

EP 00/02005 04. 2000  
**BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND**

EP 00/02005



REC'D 10 MAY 2000

WIPO EPO DE RCT

25. 04. 2000

4



**Bescheinigung**

Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 9. März 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 12 N und C 07 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag

Joost

Aktenzeichen: 199 11 684.9

**PRIORITY  
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

A 9161  
06.90  
11/98



105

## Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Artheriosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw. die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

5 Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

10 und

b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrikel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen Kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

15 Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

20 Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich proliferativem Phänotyp dar.

25 Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar, bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

30 Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturzuständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die 5 Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

---

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

10

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der 15 Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

20

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine  
Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

10

Mit den erfindungsgemäßen Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

15

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

25

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

---

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20 Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

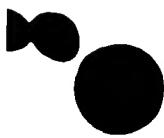
5

---

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

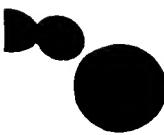
Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq.

10 ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.



Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.



Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskuläres Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und

5 Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

---

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

10 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomicische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomicische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

20 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomicische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomicischen 25 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomicischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

30 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

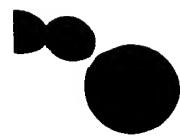
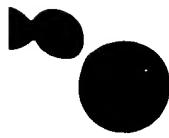
## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

ORF = ~~Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,~~  
die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

---



Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### **Beispiel 1**

---

#### **1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengenen**

##### **10 1.1 Verwendete Zellen**

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15 Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO<sub>2</sub>

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicillin, 100µg/ml Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

##### **1.2 Kultivierung und RNA-Präparation**

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären 25 Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrikel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm<sup>2</sup>) und bei 37°C für 30 min. gelöst. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10<sup>4</sup>/cm<sup>2</sup> ausgebracht 30 und für 7h bei 37°C, 5% CO<sub>2</sub> inkubiert.

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA<sup>+</sup> RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

### 1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad.

10 Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA<sup>+</sup> RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA<sup>+</sup> RNA als Driver bezeichnet.

Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der

15 Kulturform a) und einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

### 1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

20

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

#### 1. Strang-Synthese

25

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

polyA<sup>+</sup> RNA 2µg

cDNA-Synthese Primer(10µM) 1µl

Wasser add 5µl

30

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

5x First-strand buffer ( 250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl) 2µl

10mM dNTP 1µl

5 Wasser 1µl

MMLV reverse transcriptase (200 U/µl) 1µl

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

10

## 2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

1. Strang-Synthese 10µl

15 Wasser 48,4µl

5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat,

25mM Mg-Chlorid, 0,75mM  $\beta$ -NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5,

0,25mg/ml BSA) 16µl

10mM dNTP 1,6µl

20 20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl

Rnase H 0,2U/µl, *E. coli* DNA Ligase 1,2U/µl) 4µl

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

25

T4 DNA Polymerase 3U/µl 2µl

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende

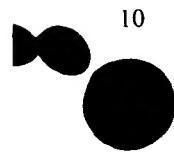
30 Zusammensetzung aufweist:

20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen) 4µl

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

5     **1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA**

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:



10	ds cDNA	43,5µl
	10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0, 100mM Mg-Clorid, 1mM DTT)	5µl
	Rsa I (10U/µl)	1,5µl

15    Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:



20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA        1mg/ml Glykogen)	2,5µl
---	-------

20

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

**1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA**

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

	<u>Tester-1</u>	<u>Tester-2</u>
Tester-cDNA	0,1µl	0,1µl
5x Ligationspuffer (250mM Tris-HCl, pH7,8 50mM MgCl <sub>2</sub>	2µl	2µl
10mM DTT 0,25mg/ml BSA)		
T4 DNA Ligase (400U/µl)	1µl	1µl
Adaptor 1 (10µM)	2µl	--
Adaptor 2 (10µM)	--	2µl
H <sub>2</sub> O	4,9µl	4,9µl
Gesamtvolumen	10µl	10µl

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)).

5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

## 1.7 Subtraktive Hybridisierungen

10 Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

### Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

	Reaktion 1	Reaktion 2
Rsa I verdaute Driver cDNA	1,5µl	1,5µl
Adaptor 1 ligerter Tester 1	1,5µl	--
Adaptor 2 ligerter Tester 2	--	1,5µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl	1µl
Gesamtvolumen	4µl	4µl

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

### 1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

Driver	1µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl
Wasser	2µl

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc,	
35mM MG(OAc)2, 37,5µg/ml BSA)	2,5µl
10mM dNTP	0,5µl
PCR Primer 1 (10µM)	1µl
5 50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
<del>verdünnte 2. Hybridisierung</del>	1µl
Wasser	19,5µl

Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	75°C, 5 min
10	Schleife
	94°C, 30 sek
	66°C, 30 sek
	72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

15

Die zweite PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

10x PCR-Puffer	2,5µl
10mM dNTP	0,5µl
20 nested PCR-Primer 1 (10µM)	1µl
nested PCR Primer 2R (10µM)	1µl
50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
PCR Produkt	0,1µl
H2O	19,4µl

25

Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	94°C, 30 sek
	68°C, 30 sek
	72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.

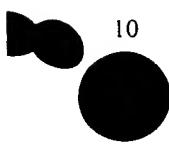
30

Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen ( SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

## 2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP ligiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  kloniert.

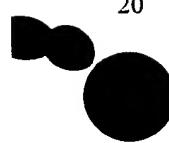


10

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

Subtrahierter cDNA Pool	1,5 $\mu$ g
Klenow Fragment	1 $\mu$ l
10x Blunting/Kinasing Buffer	2 $\mu$ l
Polynucleotide Kinase	1 $\mu$ l
Wasser	add 20 $\mu$ l



20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30 $\mu$ l Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

### 2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

Blunt-ended cDNA Pool	50ng
pUC 18 Sma I/BAP (50ng/ $\mu$ l)	1 $\mu$ l

2x Ligationspuffer	10µl
DTT	1µl
T4 DNA Ligase (6U/µl)	3µl
Wasser	add 20µl

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

## 2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5 $\alpha$

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen.

Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-  
15 Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMF, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei -80°C gelagert werden.

20

## 3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+

25 Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung (1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h

30 bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

## 5 4. Differentielle Hybridisierung:

Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

15 Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden  
eingesetzt:

cDNA Pool	28µl
10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0 100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT)	3µl
Rsa I (10U/µl)	2µl

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

## 5 Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools

Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem

### 30 Ansatz durchgeführt

cDNA Pool 150ng in 9ul

### 3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine  
weitere Verlängerung mehr möglich ist.

---

### 10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15

Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20

Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

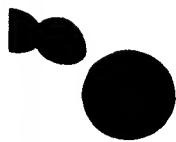


TABELLE I

Seq ID No	Expression	Funktion	Homologie
1	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
2	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
3	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
4	3-fach überexprimiert in b)	gap junction, assoziiert mit Differenzierung	connexin37; 96% Identität über 933 bp.
5	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
6	2-fach überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
7	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
8	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
9	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
10	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	SPRY2; 99% Identität über 1489 bp.
11	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
12	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp.
13	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
14	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
15	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
16	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
17	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
18	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
19	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
20	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
21	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
22	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
23	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse MMP; 83% Identität über 831 bp.
24	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
25	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
26	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
27	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
28	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	KIAA0255; 57% Identität über 326 bp.
29	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp.
30	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
31	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
32	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
33	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
34	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
35	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
36	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
37	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	CL-20; 87% Identität über 122 bp.
38	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Numb; 90% Identität über 310 bp.
39	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
40	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
41	5-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
42	6-fach überexprimiert in a)	Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation	SMRT; 99% Identität über 785 bp.
43	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
44	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
45	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
46	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
47	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
48	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	MUC18; 99% Identität über 780 bp.
49	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
50	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
51	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
52	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
53	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
54	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
55	7-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit EC Proliferation und Migration	CYR61; 100% Identität über 2015 bp.
56	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
57	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
58	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
59	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

## Sequenzprotokoll

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

---

10 (i) ANMELDER:

- (A) NAME: Schering Aktiengesellschaft
- (B) STRASSE: Müllerstraße 178
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-13303
- (G) TELEFON: (030)-4681 2085
- (H) TELEFAX: (030)-4681 2058

15

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus  
humanen Endothelzellen

25 (iii) Anzahl der Sequenzen: 59

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1835 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

---

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

25

ttttacagtt ttcctttct tcagagttta tttgaattt tcattttgg ataaccaagc 60  
 agctcttaa gaagaatgca cagaagagtc attctggcac tttggatag tacataagat 120  
 tttctttttt ttttttaaat ttttttaat agtcacattc agctcgctt ctc当地accag 180  
 actcccacat tgggtgagca agatgagccc ataggattcc agagtaata cgtaaccgta 240  
 tataaaaaaca gccaaaaaaaaac cataatggtg ccacaggat ggagcaggga agggcatctc 300  
 taacgtgtcc tctagtctat cttcgctaaa cagaacccac gttacacatg ataactagag 360  
 agcacactgt gttgaaacga ggatgctgac cccaaatggc acttggcagc atgcagttta 420  
 aagaaaaaga gacatcctt aataactgta taaaatccag gcagttccat taaagggtt 480  
 aagaaaaacca acaacaacaa aaagcgaggg actgtctgtt gtcactgtca aaaaggcact 540  
 tggagttaat gggaccagga ttggaggact cttagctgat acagattca gtacgatttc 600  
 attaaaaaggc ttggatgtta agagaggaca ctcagcggtt cctgaaggga gacgctgaga 660  
 tggaccgctg agaagcggaa cagatgaaca caaaggaatc aaatcttac aaccaaattg 720  
 35 catttaagcg acaacaaaaa aaggcaaacc cccaaacgca acctaaccac agaaaaatct 780  
 aagaaaaatc agacaacgaa gcagcgatgc atagcttcc tttgagagaa cgcatacctt 840  
 gagacgctac gtgccaacct aagttctcaa cgacagcttc acagtaggat tattgtgata 900  
 aaaatgactc aagcgatgca aaaagttca tctgttccca gaatccgagg gagaactgag 960  
 40 gtgatcgta gagcatagcg acatcacgtg cggttctta atgtccctgg tggcggatac 1020  
 gcccggatctt cggaaaggaca tctggacacc acttcagcc acctccttgc agggcgaca 1080

tccgc当地  
 5 gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgtcccacgg ctgggctgcc gttccgttc 1200  
 ctccacgaac gggtaacgcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260  
 tcagggtgggt ctgcgatagc tcatttaatg ttaaacgcca tcaggggcct ctccctccgt 1320  
 ttctgccagg ggcttttctt gtcttctcct tggcgagctc gtgggcagat cttctctgg 1380  
 gggggctggc tgctggctcc gagggggcat ccgcagtcgg tctggctgac tcctccgtca 1440  
 ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgaccctcc caacaaggcat cgcaggcac 1500  
 tgtcctcggg ggtacagacc gtgggtcccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560  
 10 ggtacacgag ctgcgtgttag gccgtgctgt ctggggctcg aggctcttc tgctgggtgt 1620  
 ctggacggg cgggttagttc tgctgcagag acaaaggcatc tcccccttccc ttccgggtgt 1680  
 attttggttc attcatatct acgccagagt ccaaactggc atcattactt ccgttccttc 1740  
 cagcttttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cggtggacct gccatccaag 1800  
 gagacgaacc acgcccgggg gtgcggaagc ggct

15

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:**

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
- 20 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

30

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35 **(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

5 gttctagatt gttttattca gtaattagct cttaagaccc ctggggcctg tgctacccag 60  
 acactaaca cagtcttat ccagttgctg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120  
 tcaacttact tcctgtggcc cattaggaa gtggtgacct cgggagctat ttgcctgttg 180  
 agtgcacaca cctggaaaca tactgctctc attttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240  
~~tggeecgtta~~ ~~geaagatata~~ ~~actatgeaat~~ ~~catgeaaceaa~~ ~~agetgeetaaa~~ ~~taacatattaa~~ 300  
 tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgttaaagga tgaattcata acctctgcag 360  
 10 agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtctt tgttttctct 420  
 aaatgtcaag ctttgactga aaactcccgt ttttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480  
 aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aaggaaata gtacttgaaa tgtagggccct 540  
 cacctccccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 516 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5 tagagatgtt gggtgatgac ccccggttgc tggagcagat gaatgaagag tctctggaa 60  
 tcagccca a catgtgcac tacatcacag aggacatgct catgtcgccg aaccta 120  
~~gacactctgg gttgattgtg aaagaaattt ggtttccac ctcgagctct tcagaaacag~~ 180  
 ttgttaagct tcgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatgtt cgaaaccaa 240  
 agacccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaagact 300  
 10 tcctgcgcac tgcaggctg tgcaggaca ctgctcagag ttacacccctt ggtatgtggcc 360  
 atgaactgga tgaggaaggc ctcttattgca acagttgctt ggcccaagcag tgcataaca 420  
 tccaagatgc ttttccagtc aaaagaacca gcaaataactt ttctctggat ctcactcatg 480  
 atgaagttcc agagttgtt gtgtaaagtc cgtctg

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare  
 20 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 30 (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

cccacaacac aggggcctg aaacacgcca gcctctcctc tgtggtcagc ttggccca 60  
 cctgctca ggatcac agg ccattgt tagg tgggc atgg ggcc ctgg 120  
 ccacggggag gtagaagaag acctgg tccg tgtaagggtc tgagaagg gtg ccctgg gtcg 180  
 ggggtgcgtc ttggc cttgc cgtgc ccctca tccccgg ct gaggc agcga cac agc agg 240  
 10 gcaccaactc cagcag gtta agcacc agg agatg agtcc aacc acca ac atga agat ga 300  
 tgaagatgg t ttctcc gtg gggc gagaga caa acg actc cac gagg tag gggc cagg gt 360  
 ctcgctggca caca acac cg ggct ccatgg tcc agcc gt cagg ccac tgg ccat aga 420  
 ggaaggcctgc ctct agcaca ct cttgc caga gcac actgg gc acat agg tg ccc atc agt 480  
 ctccgcggat gcgc cagg cg ccat tttctg ccac cc gagat cttgg ccatc tgac gctct ta 540  
 cggccgcccag cggcc gccc gtctcc acctgt gggt ccttgg ccgg cagt gccc gc agct cccc ct 600  
 ccttctgccc cagcc gctct tctcg cccg ag acag gtta at gac atgg ccc agg tag acca 660  
 gggtgtgggt gtgt gac gaag agga act gca gcac cc agg atgt gtgg gagat gggg ga 720  
 aggctggc atag cac acg ttgg gtc agc ctg gct gggc cgt gtt acac tcg aaat ctg 780  
 actgctcg tc accc acact gact cgcc gg ccagg ccc ag gat gagg atg cg ga agat ga 840  
 20 agagcaccgt cagcc agatc ttaccc acca cggt cgag tg tc cgttgg gacc tgg tcc cag ca 900  
 acttctccac gaag cccc ag tcaccc atgg ctcc gggg cc tccgtc gg ca agg agac aga 960  
 gcacgtcagt gtgt cag cat cc tc gtt cg ccc ag caaca agc ctg cagg gg g acat g gt 1020  
 gtctgccacg cccg ttctac cgc ctgc cctg ccgg ccgg c agg gtgg agg tgg ggac gat 1080  
 ggccggagtg acg ccc cg cg tg

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

~~(A) BIBLIOTHEK: cDNA library~~

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

gaggataggg agcctgggt caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaa 60  
 aaaaagtct ttttggaaat gttgagggtg aaatgtggg aaccaacatt ctttggattt 120  
 agtggggagc ataatacgaa acacccctt ggttcgacata tgtacaggg tgggaccagg 180  
 ttggggcaca gccatggact tccccggcctt ggaatgtgtg gtgcggaaatggc 240  
 ccagacccaa gaggagaggg tggtccgcag acacccggg atgtcagcat ccccccggac 300  
 gccttctggc ggcacccccc ggggtctgtg ttgagtccgcaggcatgggg tgagagccctg 360  
 gtatatgtgtg ggaacagggt gcaggggcca agcgttcctc ctgcggccctt gacttggggcc 420  
 atgcacccccc tctcccccac acacaaacaa gcacttctcc agtatgggtc caggacaggt 480  
 20 gtcccttcag tcctctgggt atgacactcaa gtcctacttg ggccctgcag cccagccctgt 540  
 gttgttaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaaagatt cttcttcctt ttgaaggaga 600  
 atcatcatttgc ttgctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660  
 aatgtgcttc cttccctggg gtctcacacg ctcccaacgg aatgccacag gggccgtgca 720  
 25 ctgggcaggc ttctctgttag aaccccaggg gcttcggccc agaccacagc gtcttgcctt 780  
 gaggcttagag caggagatcc cgaacttctg cattcacaga ccacccccc aattgttata 840  
 accaaaggcc tcctgttctg ttatttcaact taaatcaaca tgctatgggg ttttcaactca 900  
 cttctgactt tagcctcggt ctgagccgtt tatccatgca gtcatgttca cgtgcttagtt 960  
 acgttttct tcttacacat gaaaataaaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

20

ccagagcagg	cctgggtgg	agcagggacg	gtgcaccgga	cggcgggatc	gagcaaatgg	60
gtctggccat	ggagcacgga	gggtcctacg	ctcgggcggg	gggcagctct	cggggctgct	120
20 ggtattacct	gcgctacttc	ttcccttctcg	tctccctcat	ccaattcctc	atcatcctgg	180
ggctcgtgct	cttcatggtc	tatggcaacg	tgcacgttag	cacagagtcc	aacctgcagg	240
ccaccgagcg	ccgagccgag	ggcctataaca	gtcagctct	agggctcacg	gcctcccagt	300
ccaaacttgcac	caaggagctc	aacttcacca	cccgcgccaa	ggatgccatc	atgcagatgt	360
ggctgaatgc	tcgcccgcac	ctggaccgca	tcaatgcccag	cttccgcccag	tgccagggtg	420
accgggtcat	ctacacgaaac	aatcagaggt	acatggctgc	catcatcttg	agtgagaagc	480
aatgcagaga	tcaattcaag	gacatgaaca	agagctgcga	tgccttgctc	ttcatgctga	540
25 atcagaaggt	gaagacgctg	gagggtggaga	tagccaagga	gaagaccatt	tgcactaagg	600
ataaggaaag	cgtctgtctg	aacaaacgcg	tggcggagga	acagctggtt	aatgcgtga	660
aaaccggga	gctgcagcac	caagagcggc	actggccaag	gagcaactgc	aaaaggtgca	720
30 agccctctgc	ctgcccctgg	acaaggacaa	gtttgagatg	gaccttcgta	acctgtggag	780
ggactccatt	atcccacgca	gcctggacaa	cctgggttac	aacctctacc	atcccctggg	840
ctcggattg	gcctccatcc	gcagagcctg	cgaccacatg	cccagcctca	tgagctccaa	900
35 ggtggaggag	ctggcccgga	gcctccgggc	ggatatcgaa	cgcgtggccc	gcgagaactc	960
agaccccaa	cgccagaagc	tgaaagccca	gcagggcctg	cgggcccagtc	aggaggcgaa	1020
acagaaggtg	gagaaggagg	ctcaggcccg	ggaggccaag	ctccaagctg	aatgctcccg	1080
40 35 gcagaccagg	ctagcgtgg	aggagaaggc	ggtgctgcgg	aaggaacgag	acaacctggc	1140
caaggagctg	gaagagaaga	agagggaggc	ggagcagctc	aggatggagc	tggccatcatcg	1200
aaactcagcc	ctggacacac	gcatcaagac	caagtcgcag	ccgatgatgc	cagtgtcaag	1260
gccccatgggc	cctgtccccca	accccccagcc	catcgaccacca	gctagcctgg	aggagttcaa	1320
45 40 gaggaagatc	ctggagatccc	agaggcccc	tgcaggcattc	cctgtagccc	catccagtgg	1380
ctgaggaggc	tccaggcctg	aggaccaagg	gatggcccg	ctcggcggtt	tgccggaggat	1440
gcagggatat	gctcacagcg	cccgacacaaa	ccccctcccg	ccgcccccaa	ccacccagg	1500
ccaccatcag	acaactccct	gcatgcaaac	cccttagtacc	ctctcacacc	cgcaccccg	1560
cctcacgatc	cctcacccag	agcacacgc	cgcggagatg	acgtcacgc	agcaacgcgc	1620
ctgacgtcac	atatcaccgt	ggtgatggcg	tcacgtggcc	atgtagacgt	cacgaagaga	1680
50 tatacgatg	gcgtcgtgca	gatgcagcac	gtcgcacaca	gacatgggaa	acttggcatg	1740

5 acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cggccatgt cgacgtcaca catattaatg 1800  
tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgtcacacac agacacagtg 1860  
acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcac 1920  
cccttcaca cacacttct acccaattct caccctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980  
10 acacggggca aggtacccac aggtacccat cccctccgc acagccctgg gccccagcac 2040  
ctccctcct ccagcttcct gcctcccg ccacttcctc acccccagtg cctggaccgg 2100  
gaggtgagaa caggaagcca ttcacctccg ctccttgaggc gtgagtggtt ccaggacccc 2160  
ctcggggccc tgagccgggg gtgagggtca cctgttgc ggaggggagc cactccttct 2220  
cccccaactc ccagccctgc ctgtggcccg ttgaaatgtt ggtggcactt aataaatatt 2280  
agtaaatcct taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5 gccaaaaaaga tggcttcaaa agtaagaatg aaacatttga tccattcagc tttaggctat 60  
 gcccactggat tcatgtctag aaaagatagg ataatttctg taaagaaaatg aagaccttgc 120  
 tattctaaaa tcagatcctt acagatccag atttcaggaa acaaatacat aggggactaa 180  
 ctttccttgt tcagattagt ttttctcctt tgcacccagc tatataatat gaggaagtat 240  
 tgactttta aaagtgtttt agttttccat ttctttgata tgaaaagtaa tatttcggga 300  
 gaaccctgag ctattaataa tctatgtggc tagtgcgtat atattggct gaatttggc 360  
 tcctttgtg gtgtccagtg ggttaacatc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 157 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

20 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

35

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggtttttag 60  
gaagcaggaa gcaagccac tcaaacgtga aatttggcat gagggatcca gtaactttct 120  
cctcaatctg tgaactataat gtgagtttga tattttg

5

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:**

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

10 (A) LÄNGE: 561 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

25

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaaacaa aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60  
gatgttgtg gctgacatac aggctcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttccccttgc 120  
35 tgaactgaac tattctgtta catatggtg acaaatctgt gtgttatttc ttttctacct 180

accatattta aatttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccccgta tgatgaacat 240  
 tcctgatttt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgtggtcatt caagatttt 300  
 tgatgttcaa aggaaaagtg aatatgacct taaaaattt tattttgggt gatgatagtc 360  
 5 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgatcaa 420  
 ttaaacctat aatgagtatt ctaatggag aattcttaat ggtggatata tccctgtatc 480  
 ttttctttaa aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540  
 ctgccccat ttcttaggaaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1508 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaaacacg agagactcca cggctgcct gagcaccggcc agcctcctag gtcggcggcac 60

	tcgcagggtcc	attcttctgc	acgagcctct	ctgtccagat	ccataagcac	ggtcagctca	120
	gggtcgccga	gcagtcacgag	gacaagtacc	agcagcagct	cctctgaaca	gagactgcta	180
	ggatcatcct	tctcctccgg	gcctgttgc	gatggcataaa	tccgggtgca	acccaaatct	240
5	gagctcaagc	caggtgagct	taagccactg	agaaggaaag	atttgggcct	gcacgcctac	300
	aggtgtgagg	actgtggcaa	gtgcaaatgt	aaggagtgc	cctacccaag	gcctctgcca	360
	tcagactgga	tctgcgacaa	gcagtcgcctt	tgctcggccc	agaacgtgat	tgactatggg	420
	acttgtgtat	gctgtgtgaa	aggctcttc	tatcaactgtt	ctaattgtat	tgaggacaac	480
	tgtgctgaca	acccatgttc	ttgcagccag	tctcaactgtt	gtacacgtg	gtcagccatg	540
	ggtgtcatgt	ccctctttt	gccttgc	tggtgttacc	ttccagccaa	gggttgcctt	600
10	<u>aaatttgtgcc</u>	<u>agggggttta</u>	<u>tgaccqqqtt</u>	<u>aacaaggcctq</u>	<u>gttggccqctq</u>	<u>taaaaactca</u>	660
	aacacagttt	gctgcaaaat	tcccactgtc	cccccttagga	acttggaaaa	accaacatag	720
	catcattaat	caggaatatt	acagtaatga	ggattttttc	tttctttttt	taatacacat	780
	atgcaaccaa	ctaaacagtt	ataatcttgg	cactgttaat	agaaaagttgg	gatagtcttt	840
	gctgttgcg	gtgaaatgct	ttttgtccat	gtgccgtttt	aactgatatg	cttgttagaa	900
15	ctcagctaatt	ggagctcaaa	gtatgagata	cagaacttgg	tgaccatgt	attgcataag	960
	ctaaagcaac	acagacactc	ctaggcaaaag	ttttgttttgc	tgaatagttac	ttgcaaaact	1020
	tgttaatttt	cagatgactt	tttccatttgc	ttttctccag	agagaatgtg	ctatattttt	1080
	gtatatacaa	taatatttgc	aactgtgaaa	aacaagtgg	gccatactac	atggcacaga	1140
	cacaaaatata	tatactaata	tgttgtacat	tcggaagaat	gtgaatcaat	cagtatgtt	1200
	ttagattgtt	ttttgcctt	cagaaaggcct	ttattgttaag	actctgattt	ccctttggac	1260
	ttcatgtata	ttgtacagtt	acagtaaaat	tcaaccttta	ttttcttaattt	ttttcaacat	1320
	attgtttagt	gtaaagaata	tttattttgaa	gttttatttt	tttataaaaaa	agaatattta	1380
	tttaaagagg	catcttacaa	attttgc	ttttatgagg	atgtgatagt	tgctgcaaat	1440
	gaggggttac	agatgcatat	gtccaaatata	aaatagaaaa	tatattaacg	tttgaattta	1500
25	aaaaaaaaa						

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:**

30                   **(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

**(ii) MOLEKÜLTYP:** Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

**(iii) HYPOTHETISCH: NEIN**

40

**(iii) ANTI-SENSE: NEIN**

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

---

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

10 gggcaggtga tcagggcaca catttcccggt ccattgagac agtagcattc ccggcaccca 60  
 tcgtgccagc tctcctcatt tttatgtga tgaccatcca cggtgagaca agtgcggac 120  
 aggtatggtg gcccagctga agcacaggcc gctctgcact tgcagataag acagccgtga 180  
 ctgtcctgct ggaaacccaa ggggcagatc ttactgcatt agagctctgg acatttctta 240  
 cagcagacaga tgcacagcc gtgcttattc ttcaagcaatc caagtggaca atacttgtca 300  
 cagattatgg gtctgcactt cttgggcctt gggcggact cacagatctc acagtttgg 360  
 acctcgcccg cgaccacgct gggtaccga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 981 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

10 tttttttttt ttggattgca aaaatttatt aaaattggag acactgttt aatcttcttg 60  
 tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggctgagg atcacttgag 120  
 cccagaagtt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc 180  
 aagacccttt caagcagtaa gctgcgtct tgcttgggt ggtcattaaa aacccttagtt 240  
 taggataaca acatattaat cagggcaaaa tacaatgtg tgatgcttg tagtagagta 300  
 acctcagaat caaaaatggaa cggtttaca gtgatatcat tatatttcat ttggcagaat 360  
 cattacatca ttggttacac tgaaaatcat cacatgttacc aaaagctgac tcaccttagtt 420  
 taggataaca ggtctgcctg tttgaagatg aaaaataata cccatattaaa atttgcctta 480  
 ctcaatttcc ttctcagtca cattttact tttaaacagc taatcactcc catctacaga 540  
 ttaaggtgta tatgccacca aaaccttttgc ccaccttaaa aatttccttc aaagtttaaa 600  
 ctaatgcctg catttcctca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc 660  
 20 cacacagtgt agtcaagccg actctccata cccaaagcaag tcatccatgg ataaaaacgt 720  
 taccaggagc agaaccatta agctggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc 780  
 agctttctgt ctaatgcctg tggccaaatg gcttgagttt ggcttgctct ttaggacttc 840  
 agtagctatt ctcatccttc cttggggaca caactgtcca taaggtgcta tccagagcca 900  
 25 cactgcacatc gcacccagca ccatacctca caggagtcga ctcccacgag ccgcctgtat 960  
 ataagagttc ttttgatgac g

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 401 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

● (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60  
 aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tgggataggc aacactgccc 120  
 tctctcccccc agagcgaccc cccgggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180  
 tcccttaccca gcacactctc tttactgcca cctgcaattt tgctgtgaag atgactgggt 240  
 gtggcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat tttaggcaaa gagagaaact 300  
 tggagaattt ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaattcctc 360  
 20 acttcagcat atttagttgt cattaaaatt aagctgatat t

● (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1002 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15 gacaatataa aaagtggaaa caagcataaa ttgcagacat aaaataatct tctggtagaa 60  
 acagttgtgg agaacagggtt gagtagagca acaacaacaa aagcttatgc agtcaccc 120  
 tttgaaaatg ttaaatacaa gtcctattct ctttgtccag ctgggtttag ctagaggttag 180  
 ccaattactt ctcttaaggt ccatggcatt cgccaggatt ctataaaagc caagtttaact 240  
 gaagtaaata tctggggccc atcgcacccc cactaagtac tttgtcacca tggtagtatct 300  
 taaaagtcat ttttcactgt ttgactcaga atttgggact tcagagtcaa acttcattgc 360  
 20 ttactccaaa cccagttaa ttccccactt ttttaagtag gcttagctt gagtgatttt 420  
 tggctataac cgaaatgtaa atccaccc 480  
 tactgaaaac aatggtgcca tatgctccaa agacatttcc ccaagataac tgccaaagag 540  
 ttttgagga ggacaatgtat catttattat gtaggagcct tgatatctct gaaaaataga 600  
 attaatacag ctcaaatttcc 660  
 25 actacgaaca tgagagttaca agaggaaact ttcataatgc attttttcat tcatacattc 720  
 attcaataaa cattagccaa gctaattgtcc caagccactg tgccaggtat taacaatata 780  
 acaacaataa aagacacagt ccttccttc aagggtttca gtcttagttagg gaagatgatt 840  
 attcattaaa attttttgttgc catcagaatc atgaggagct tgtcaaaaat gtaaatttct 900  
 gcctatgttc tcagatattc tggtaggtc aggagtggga accaaaaatc aattcttta 960  
 acaaacacta aaggtgattc taacacaggc ggtgtgagga cc

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20

cgaggtgggc caccgtgtc tggctgaga tttttaatg aggattacat tatcctattt 60  
ataatattcc tattctaattc tattgtattc ttacaattaa atgtatcaa taattcttaa 120  
aacattatt agaaaacaaac tgcctaatac cttataagac taaaaaaaaatc accaagatga 180  
aactgttata tgactctcaa tatttaaaca tttaaaaaaaaa tgtagtggtt tgtaagcac 240  
caatcttaac tatttcacct gccccgggggg ccgctcgagg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

ccccccgcag aactcccccc tggaatagga ttttaaaac cttgacaat tagaaatcct 60  
 atagaggta gcattttta gtaaaaaata tggtgcccc tacagggatc atgcaacttc 120  
 cttaaaacca attcagcaca tatgtataaa gaacccttt taaaacatt tgcacttgaa 180  
 20 atacagacac agtgatgctg aagacactaa aaaaaactg aaaagtacta taccttgata 240  
 aattttgtta ttgccttctt tagagacttt ataatctcta gttgatttc aaggacttga 300  
 attaataat gggtaatta cacaagacgt aaaggatttt taaaaacaa gtatTTTTT 360  
 ttacctctag catcaattct tttataaaga atgctaaata aattacattt ttgttcagt 420  
 aaaactgaag atagaccatt taaatgcttc taccaaattt aacgcagctt aattaggac 480  
 25 caggtacata ttttcttctg aacatttttgc tcaaggatg tctaaccata aaagcaatg 540  
 gaatttttaag aggtagattt ttttccatg atgcattttg ttaataatg tgcataaaaa 600  
 ataaaaacaa gcactgatgt tttctcttg aagtataagg gtctaatgaa aaataaaaga 660  
 tagatatttg ttatagctg acattttaac agtcatagta ttagacgtt cgtgaccagt 720  
 30 gcattttgga ctctctcagg atccaaatac gagtctgcca actgtattaa atccctcctcc 780  
 accccctcca ccagttggc cacagcttcc tgggggtcg ttgtcatcaa atccattggg 840  
 ccgaatgaa catgaaggcag atgcagctg gagggcccg gctcgagcat tcaactcttg 900  
 ttcctgtaaa tatagttat tgcctttgt tatagcatcc ataagttctt tctgttagagg 960  
 tgggtctcca ttatccaga gtccactgt tggtttatta ccacttaac cattagact 1020  
 35 atgctgttt ttataaaaaa gcacataaagc tgcgtccctt ggaaacctgc tcgtatTTT 1080  
 ctggactgac taaaatgttgc tctactgtca taaaataaaa accccattttt 1140  
 ttgacatttc cttatTTCC aaatcctgtt caaaaactgc actgggacta tctctcccta 1200  
 gtaaatgact ctgggaggat gctaatgcca gagcctcaga ctgggtggac atctgatatg 1260  
 aagagtctgt acttgtgata ttctggcat aagaatagta atgcccactt tcagaggata 1320  
 taccagagtg aaccacaacg gaacttaata gatagggcac caattttgtg caggaagctt 1380  
 40 catcagtccc tgaaggctt aatttttag caaggttctc actaagatca gtgaagtcaa 1440  
 catctacaga ccaactttct gacaatgaag agaaagaagt aattcttcta actggcaact 1500  
 cccaaaccag tggccagtga tacattgtt aaaaattttcc ttctcacatg atacttctga 1560  
 tcatatgaaa atctcaggag agtaagaata aggtattcag gttccctccgt gatttgacata 1620  
 45 gttttctcag cattttgcag agaggcacag ttttcacaat aatattggtt atcaccagta 1680  
 agaatctctg gagccaaaaa aataatttag taagttagtt actgaaggtg tggtttccacc 1740

5 tccccgtttc tgaggtacat ctttattaaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800  
 agtgtttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atggttttt cattcacaag 1860  
 tgagtcacag atgaaggcag ctgttgggg attataaact actggctctt ctgaaggacc 1920  
 ggttacagac gcttgcatta gaccaccatc ttgtatactg ggtgtatgatg ctggatctg 1980  
 gacagacatg ttttccaaag aagaggaagc acaaaaacgca agcgaaaagat ctgtaaaggc 2040  
 t

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35

cgccccgggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagaccctc 60  
 acctctacaa ataaaaaatt aaaaaattag ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgtagtctc 120

agatactcgagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagttc aaggttacag 180  
 tggccacga tcatgtcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatggaa acagaaaaag ctgtggct 60  
 tcatgttcat aactacttta tatggagctt cattggacct gttaccttca ttattctgct 120  
 aaatattatc ttcttggta tcacattgtg caaaatggta aagcattcaa acacttgaa 180  
 accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctttct 240  
 35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtcctttgg gttgctttttt attaatgagg agactattgt 300  
 gatggcatat ctttcacta tatttaatgc tttccaggaa gtgttcattt tcattttca 360

	ctgtgctctc	caaaagaaaag	tacgaaaaga	atatggcaag	tgcttcagac	actcatactg	420
	ctgtggaggc	ctcccaactg	agagtcccc	cagttcagt	aaggcatcaa	ccaccagaac	480
	cagtgcgc	tattcctctg	gcacacagag	tcgtataaga	agaatgtgga	atgataactgt	540
	gagaaaacaa	tcagaatctt	cttttatctc	aggtgacatc	aatagcactt	caacactaa	600
5	tcaagggtggc	ataaatctt	atataatttt	acaggactga	catcacatgg	tctgagagcc	660
	catcttcaag	atttatatca	tttagaggac	attcactgaa	caatgccagg	gatacaagtg	720
	ccatggatac	tctaccgta	aatggtaatt	ttaacaacag	ctactcgctg	cacaagggtg	780
	actataatga	cagcgtgcaa	gttggact	gtggactaag	tctgaatgtat	actgcttttg	840
	agaaaatgt	catttcagaa	ttagtgcaca	acaacttacg	gggcagcagc	aagactcaca	900
10	acctcgagct	cacgctacca	gtcaaaccctg	tgattggagg	tagcagcagt	gaagatgatg	960
	ctattgtggc	agatgcttca	tctttatgc	acagcgacaa	cccagggtcg	gagctccatc	1020
	acaaaagaact	cgaggcacca	cttattcctc	agcggactca	ctcccttctg	taccaacccc	1080
	agaagaaaagt	gaagtccgag	ggaactgaca	gctatgtctc	ccaactgaca	gcagaggctg	1140
	aagatcacct	acagtcccc	aacagagact	ctctttatac	aagcatgccc	aatcttagag	1200
15	actctcccta	tccggagagc	agccctgaca	tggaagaaga	cctctctccc	tccaggagga	1260
	gtgagaatga	ggacatttac	tataaaagca	tgccaaatct	tggagctggc	catcagcttc	1320
	agatgtgcta	ccagatcagc	aggggcaata	gtgatggta	tataatcccc	attaacaaag	1380
	aagggtgtat	tccagaagga	gatgttagag	aaggacaaat	gcagctggtt	acaagtctt	1440
	aatcatacag	ctaaggatt	ccaaggggca	catgcgagta	ttaataaata	aagacaccat	1500
	tggcctgacg	cagctccctc	aaactctgct	tgaagagatg	actcttgacc	tgtggttctc	1560
	tgggtgtaaaa	aagatgactg	aaccttgcag	ttctgtgaat	ttttataaaa	catacaaaaa	1620
	ctttgtatata	acacagagta	tactaaagt	aattatttgt	tacaaagaaa	agagatgcca	1680
	gccaggatt	ttaagattct	gctgctgtt	agagaaattg	tgaaacaagc	aaaacaaaaac	1740
	tttccagcca	ttttactgca	gcagtctgt	aactaaattt	gtaaatatgg	ctgcaccatt	1800
25	tttgtaggcc	tgcattgtat	tatataacaag	acgtaggctt	taaaatcctg	tgggacaat	1860
	ttactgtacc	ttactattcc	tgacaagact	tggaaaagca	ggagagatat	tctgcattcag	1920
	tttgcagttc	actgcaaattc	ttttacatta	aggcaaagat	tgaaaacatg	cttaaccact	1980
	agcaatcaag	ccacaggcct	tatttcatat	gtttcctcaa	ctgtacaatg	aactattctc	2040
	atgaaaaatg	gctaaagaaa	ttatattttg	ttctattgct	agggtaaaat	aaatacattt	2100
30	gtgtccaaact	gaaatataat	tgtcattaaa	ataattttaa	agagtgaaga	aaatattgtg	2160
	aaaagctctt	ggttgcacat	gttatgaaat	gttttttctt	acactttgtc	atggtaagtt	2220
	ctactcattt	tcacttctt	tccactgtat	acagtgttct	gctttgacaa	agtttagtctt	2280
	tattacttac	atttaaattt	cttattgcca	aaagaacgtg	ttttatgggg	agaaacaaaac	2340
	tctttgaagc	cagttatgtc	atgccttgca	caaaagtgtat	gaaatctaga	aaagattgtg	2400
35	tgtcaccctt	gttatttctt	gaacagaggg	caaagagggc	actgggcact	tctcacaac	2460
	tttcttagtga	acaaaaggtg	cctattctt	tttaaaaaaaa	taaaataaaa	cataaaatatt	2520
	actcttccat	attccttctg	cctatattta	gtaattaatt	tatttatga	taaagttcta	2580
	atgaaaatgt	aattgtttca	gcaaaaattct	gctttttttt	catccctttg	tgtaaacacgt	2640
	ttaataatga	gcccatcact	aatatccagt	gtaaagttt	acacggtttg	acagtaaata	2700
	aatgtgaatt	ttttcaagtt	aaaaaaaaaa	aa			

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 276 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20 ctccttaaat gattttaaaa taaattggat aaacatatga tataaagtgg gtactttaga 60  
aaccgccttt gcatattttt tatgtacaaa tcttgtata caattccgat gttccttata 120  
tattccctat atagcaaacc aaaaccagga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180  
gagcactctg gcaactggat ggccctactt gcttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240  
gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

35

40

45

20	attgtaccag ccttgatgaa cgtggccct gcttcgctt tgagggccat aagctcattg 60
	cccactggtt tagaggctac ctatcattg tctccgtga ccggaagggt tctcccaagt 120
	cagagttac cagcaggat tcacagagct ccgacaagca gattctaaac atctatgacc 180
25	tgtcaacaa gttcatagcc tatagcaccc tctttgagga tgttagtgat gtgcttgctg 240
	agtggggctc cctgtacgtg ctgacgcggg atgggcgggt ccacgcactg caggagaagg 300
	acacacagac caaactggag atgctgtta agaagaacct atttgagatg gcgattaaacc 360
	ttgccaagag ccagcatctg gacagtgtg ggctggccca gatttcatg cagtatggag 420
	accatctcta cagcaagggc aaccacgtg gggctgtcca gcaatatatc cgaaccattg 480
	gaaagttgga gccatctac gtgatccgca agtttctgga tgcccagcgc attcacaacc 540
30	tgactgccta cctgcagacc ctgcaccgac aatccctggc caatgccgac cataccaccc 600
	tgctcctcaa ctgctatacc aagctcaagg acagctcgaa gctggaggag ttcatcaaga 660
	aaaagagtga gagtgaagtc cactttgatg tggagacagc catcaaggc tcccggcagg 720
	ctggctacta ctcccattgcc ctgtatctgg cggagaacca tgcacatcat gagtggtacc 780
35	tgaagatcca gctagaagac attaagaatt atcaggaagc cttcgatac atcggcaagc 840
	tgcctttga gcagggcagag agcaacatga agcgctacgg caagatcctc atgcaccaca 900
	taccagagca gacaactcag ttgctgaagg gactttgtac tgattatcgg cccagcctcg 960
	aaggccgcag cgatagggag gccccaggct gcagggccaa ctctgaggag ttcatcccc 1020
	tctttgccaa taacccgcga gagctgaaag ctttcctaga gcacatgagt gaagtgcagc 1080
40	cagactcacc ccaggggatc tacgacacac tccttgagct gcgactgcag aactgggccc 1140
	acgagaagga tccacaggc aaagagaagc ttcaacgcaga ggccatttcc ctgctgaaga 1200
	gtggtcgctt ctgcacgtc tttgacaagg ccctggctt gtgcagatg cacgacttcc 1260
	aggatggtgt ctttacctt tatgagcagg ggaagctgtt ccagcagatc atgcactacc 1320
	acatgcagca cgagcagtac cggcaggta tcagcgtgtg tgagcgcatt ggggagcagg 1380
45	acccctcctt gtgggagcag gccctcagct acttcgctcg caaggaggag gactgcaagg 1440
	agtatgtggc agctgtcctc aagcatatcg agaacaagaa cctcatgcca cctcttctag 1500
	tggtgcagac cctggccac aactccacag ccacactctc cgtcatcagg gactacctgg 1560
	tccaaaaact acagaaacag agccagcaga ttgcacagga tgagctgcgg gtgcggcgg 1620
	accgagagga gaccacccgt atccgcccagg agatccaaga gctcaaggcc agtcctaaga 1680
	ttttccaaaa gaccaagtgc agcatctgta acagtgcctt ggagtgcgg tcagtccact 1740

5	tcctgtgtgg ccactccttc caccaacact gcttgagag ttactcgaa agtgatgctg 1800 actgccccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gcccaggaac 1860 agaaaacgaga tctccatgat caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagcttt 1920 ctgtgattgc tgactacttt ggcagaggtt tttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980 ctcccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040 actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100 agaacagaca caatgggacc tgggcggggc ttacacagaa ggctggctga catgcccagg 2160 gctccactct catctaatgt cacagccctc acaagactaa agcggaaactt tttctttcc 2220 ctggccttcc ttaatttaa gtcaagctt gcaatccctt cctcttaac taggcaggtg 2280 10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga agggaaacct caggcaaacc tcctqaagtt 2340 ttggaaaaaa aagctggttt c
---	---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

5 aggtgttaga tgctcttcaa aaagaaaactg catctaagct gtcagaaaatg gattctttta 60  
acaatcaact aaaggaactg agagaaaacct acaacacaca gcagtttagcc cttgaacagc 120  
tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaagg aaaaaattag aactaatgc

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 905 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttctttaacc gtgtggtctt tatttcagtg ccagtgttac agataacaaca 60

caaatgttcc agttagaagg aattcaaacg gaatgccaag gtccaagcca ggctcaagaa 120  
 ataaaaaggg aggtttggag taatagataa gatgactcca atactcactc ttcctaaggg 180  
 caaaggtact tttgatacag agtctgatct ttgaaactgg tgaactcctc ttccacccat 240  
 5 taccatagtt caaacaggca agttatggc ttaggagcac tttaaaattt gtggtggaa 300  
 tagggtcatt aataactatg aatatatctt ttagaaggtg accatttgc actttaaagg 360  
 gaatcaattt tgaaaatcat ggagactatt catgactaca gctaaagaat ggcgagaaag 420  
 gggagctgga agagccttgg aagtttctat tacaataga gcaccatata cttcatgcca 480  
 aatctcaaca aaagctctt ttaactccat ctgtccagtg tttacaata aactcgcaag 540  
 gtctgaccag ttcttggtaa caaacataca tgtgtgtgtc tgtgtgtata cagcaatgca 600  
 10 ~~cagaaaaggc taccaggagc ctaatgcctc ttccaaacat tgggggaacc agtagaaaaaa~~ 660  
 ggcagggctc cctaattgtcc attattacat ttccattccg aatgccagat gttaaaagtg 720  
 cctgaagatg gtaaccacgc tagtgaggaa taaatacccc accttgccca gtccacagag 780  
 aaacaacagt agaaaagaagg ggcaactctt tgctgcagag acaaagtgag tgtttttcg 840  
 ccatggattt cagtcctctc ctccagacca gctgcttatt tcctcagggg cccagggaaat 900  
 15 gttga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 213 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 ggtctttct ttccttttt tttttccaaa agtgttctt tatttctagt aacatatatt 60  
 gtataaatac tctattttat atgcacttcc acaaaaagcga tataattaa aagtttttt 120  
~~cattagaaaat aaatgtataa aaataaaat~~ ~~gttattatag~~ ~~gcatttatta~~ ~~ctaactata~~ 180  
 tccttcttgg aaggaacacc caaaccaata cttataaagt acatgttaatt tatagttaaca 240  
 tattttacta tatacatatg gaaaaaaatca tatttctcaca gaagagctga acagacattc 300  
 10 accaggatac gactgttggc ccagctgctg gagatggacc tgctacccct cagcagccctc 360  
 cccaccacaa gacaagtgtat ctcattgtcc ccaaaacctgt gggaccctgt tctacacacc 420  
 tcattttgt tccggcgctt catcctcctt gtgtgattgt actgattttc atgagacaca 480  
 agttacttct ttacatccat attcccaaag cagggttaca tggtaggaaa gaaaggaagt 540  
 tggaggtact aagctcattt gttctcctt agcttttacc agcatctaatt gcttcactgc 600  
 ttttttcca ttgttagactt taatgcactt gaataaatac atggagttgt tttttccctca 660  
 aaatgaatta cacaataaaa gactgagatg gtccaaaaaaa ggaaagagga agccatttgc 720  
 gttatttcac gttgctgagc ctttctctca tggtaacaa tctgaagttt taattctcgg 780  
 tagaaataat gtataaacat tctctgaaac catagcagcc ataaacagtgc ctggtaaag 840  
 atcctatttgc tactccttcc tccccccatt gtttagtggg taaagtaaaa caggtcttag 900  
 20 taaaatctca cttttctcctt acttttcatt tcccaacccccc catgatacta agtattttgat 960  
 aagtaccagg aaacaggggt tgtaatagtt ctaactttt ttgacaatttgc ctttgc 1020  
 tctaaacttgc taatagatgt aacaaaagaa ataataataa taatgcccgg ggcttttatta 1080  
 tgctatatac ctcgtcagag gttataatac ctcactaact atcctatcaa atttgcaact 1140  
 ggcagtttac tctgtatgatt caactcctt tctatctacc cccataatcc caccttactg 1200  
 25 atacacccatca ctggttactg gcaagatacg ctggatccct ccagccttct tgctttccct 1260  
 gcaccagccc ttcctcactt tgccttgc tcaaagctaa caccactttaa accacttaac 1320  
 tgcattctgc cattgtgcaa aagtctatga aatgttttagg tttctttaaa ggatcacagc 1380  
 tctcatgaga taacacccctt ccatcatggg acagacactt caagcttctt ttttgc 1440  
 cttcccccaca ggtcttagaa catgatgacc actccccccag ctgcccactgg gggcaggat 1500  
 30 ggtctgcaca aggtctgggt ctggctggct tcacttcctt tgccacactcg gaagcaggct 1560  
 gtccattaaat gtctcgcat tctaccagtc ttctctgcca acccaattca catgacttag 1620  
 aacattcgcc ccactcttca atgacccatg ctgaaaaagt ggggatagca ttgaaagatt 1680  
 cttttttctt ctttacgaag taggtgtatt taattttagg tcgaaggca ttgcccacag 1740  
 taagaacctg gatggtcaag ggctcttga gagggctaaa gctgcaattt ctttccaaatg 1800  
 ccgcagagga gccgctgtac ctcaagacaa cacccttgcataatgtct tgctctaagg 1860  
 tggacaaagt gtagtcacca ttaagaatat atgtgccatc agcagcttgc atggcaagaa 1920  
 agctgccatt gttcctggat cccctctgtt tccgctgtt cacttcgtatg ttgggtggctc 1980  
 cagttggaat tggatgatatac tcatgatatac caggtttgc actagtaact gatcctgata 2040  
 35 ttttttaca agtagatcca ttccccccgc aaacaccaca tttatcaaac ttcttttgg 2100  
 agtctatgtat gcgatcacaac ccagcttttca caca

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1626 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

20

ggacaatttc tagaatctat agtagtatca ggatatattt tgctttaaaa tatattttgg 60  
ttattttgaa tacagacatt ggctccaaat tttcatctt gcacaatagt atgactttc 120  
actagaacctt ctcaacattt gggactttg caaatatgag catcatatgt gttaaggctg 180  
tatcatttaa tgctatgaga tacattgtt tctccatgt ccaaacaggt gaacaaacgt 240  
agttgtttt tactgatact aaatgttggc tacctgtat tttatagtt gcacatgtca 300  
gaaaaaggca agacaaatgg cctcttgcac tgaatacttc ggcaaaactta ttgggtcttc 360  
atttctgac agacaggatt tgactcaata ttttagagc ttgcgttagaa tggattacat 420  
ggtagtgatg cactggtaga aatggttttt agttattgac tcagaattca tctcaggatg 480  
aatctttat gtcttttat tgaagcata tctgaattt ctttataaag atggtttttag 540  
25 aaagctttgt ctaaaaattt ggccttagaa tggtaacttc atttcagtt gccaagggg 600  
agaaaaataa tatgtgtgtt gttatgttt tggtaacata ttatttagta ctatctatga 660  
atgtatttaa atattttca tattctgtga caagcattt taatttgc当地 caagtggagt 720  
ccatttagcc cagtggggaaa gtcttggaaac tcaggttacc cttgaaggat atgctggcag 780  
ccatctctt gatctgtgct taaactgtaa tttatagacc agctaaatcc ctaacttgga 840  
30 tctggaatgc attagttatg cttgtacca ttcccagaat ttcagggca tcgtgggtt 900  
ggcttagtga ttgaaaacac aagaacagag agatccagct gaaaaagagt gatcctcaat 960  
atcctaacta actggcttc aactcaagca gagtttctt actctggcac tgtgatcatg 1020  
aaacttagta gaggggattt tggatattt atacaaattt aatacaatgt cttacatgt 1080  
taaaattctt aaagagcaaa actgcatttt atttctgtat ccacattcca atcatattag 1140  
40 aactaagata ttatctatg aagatataaa tggatcagag agactttcat ctgtggattt 1200  
cgttgtttct tagggttcctt agcactgtat cctgcacaag catgtatgtat gtgaaataaa 1260  
atggattctt ctatagctaa atgagttccc tctggggaga gttctggatc tgcaatcaca 1320

atgccagatg gtgttatgg gctattgtg taagtaagt gtaagatgct atgaagtaag 1380  
 tgggtttgtt ttcatcttat gaaaactctt gatgcattgtg cttttgtatg gaataaattt 1440  
 tggtgcata tggatgtcatt caactttgca ttgaattgaa ttttgggtgt atttataatgt 1500  
 attatacctg tcacgcttct agttgcttca accattttat aaccatttt gtacatattt 1560  
 5 tacttgaaaa tattttaaat gaaaatttaa ataaacattt gatagttac ataataaaaa 1620  
 aaaaaaa

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1420 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

35 gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtacac tggttttaa tcattatgtc 60  
 ttcattgaaa tccttgctac ttctttcct cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120

acacaagctt aagaaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttatttctcat tttctctgag 180  
 ttggaaacaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tatttacatt taaatagatt 240  
 agtggaaaaa cttaaagagt ttccacatat tagtttcat ttttgagtc aagagactgc 300  
 tccttgtact gggagacact agtagtatat gtttgaatg ttactttaaa attatcttt 360  
 5 tattttataa ggcccataaa tactggttaa actctgttaa aagtgggcct tctatctgg 420  
 atggttcac tgccatcagc catgctgata tatttagaaat ggcatcccta tctacttact 480  
 ttaatgctt aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtggtg 540  
 tcagccttgc catgtatcag tttcacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600  
 agggtggaga aagaggtact gaaaaacatg cagatgagga tatctttat gtgcaacagt 660  
 10 ~~atcccttgca tgggaggaga gttactctg aaaggcagge agettaagtg gaeaatgtt~~ 720  
 tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780  
 tttgctctgt tttgcctgaa gttttagtat ttgttttcta ggtggacctc taaaaaccaa 840  
 accagtacct ggggaggtta gatgtgtgt tcaggcctgg agtgtatgag tggtttgct 900  
 15 tgtatttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtgtttt ttttttttaa 960  
 gtggctttgt tttttttctt caagtaaaat tggtaacata tttcccttat aggggcaggg 1020  
 catgagttag ggagactgaa gaggattgtt gactgtacat gtgccttctt aatgtgtttc 1080  
 tcgacacatt ttttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggg acatttggtt aggttactgt 1140  
 acatcaatct atgcataaaat ggcagcttg tttcttgagc cactgtctaa atttgtttt 1200  
 tataaaaaatt ttttatactg attggttcat agatggtcag ttttgacac agactgaaca 1260  
 atacagcact ttgccaaaaa tgagtgtagc attgtttaaa cattgtgtgt taacacctgt 1320  
 tcttgtaat tgggttgtgg tgcattttgc actacctgga gttacagtt tcaatctgtc 1380  
 agtaaataaa gtgccttta acttcaaaaa aaaaaaaaaaa

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:~~

10 aaacaaaaca aaaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttca atgtgctata 60  
 caaacaatta tagcacatcc ttcctttac tctgtctcac ctcctttagg tgagtacttc 120  
 cttaaaataag tgctaaacat acatataacgg aacttggaaag ctttgggttag cttgcctta 180  
 ggtaatcagc ctagttaca ctgtttccag ggagtagttg aattactata aaccattagc 240  
 cacttgcctc tgaccattt atcacaccag gacagggtct ctcaacctgg gcgctactgt 300  
 catttgggc caggtgattc ttccttgcaa gggctgtcct gtacctgccc gggcgccccgc 360  
 tcgaagcgtg gtcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gcccctcagga 420  
 attccaaatg accgaaggaa caaagctta gggctctggg tggtgtctcc cactattcag 480  
 gaggtggctg gaggttaacgc agttcattt cgtccagtc tttccagtt taaaagttgt 540  
 tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacatgt 600  
 ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacaccgga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660  
 20 cacacccaga gcctgaagtt tgcccttcg

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

tcccagcggc atgaagtttg agattggcca ggcctgtac ctgggcttca ttccttcgt 60  
 ccctctcgct cattggggc accctgttt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120  
 agccctaacc caggccccgc ccagggccac cacgaccact gcaaacacccg cacctgccta 180  
 ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcg ccaccacagc 240  
 15 gggtacaggc tgaacgacta cgtgtgagtc cccacagcct gcttctcccc tgggctgctg 300  
 tgggctggtt cccggcgggc ctgtcaatgg aggcaagggt tccagcacaa agtttacttc 360  
 tgggcaattt ttgtatccaa gaaaataatg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420  
 ggacagaggg gaaaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 929 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

---

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

ggtgaactca gtgcattggg ccaatggttc gacacaggct ctgccagcca caaccatcct 60  
 gctgcttctg acggtttggc tgctgggtggg ctttcccctc actgtcattg gaggcatctt 120  
 tgggaagaac aacgccagcc ccttgcattgc accctgtcgc accaagaaca tcgccccgg 180  
 15 gattccaccc cagccctggc acaagtctac tgcatccac atgactgttg gaggcttcct 240  
 gcctttcagt gccatctctg tgagctgtt ctacatctt gcccacatgat ggggtcggg 300  
 gcagttacact ttgtacggca tccttttctt tgtttcgcc atcctgctga gtgtggggc 360  
 ttgcattctcc attgcactca cctacttcca gttgtctggg gaggattacc gctgggtgg 420  
 20 gcgatctgtg ctgagttgtg gctccacccg cctcttcattt ttccttact cagttttcta 480  
 ttatgcccgg cgctccaaaca tgtctggggc agtacagaca gttagttct tcggctactc 540  
 25 cttactcact gtttatgtct ttttcctcat gctggcacc atctccctttt tttttccct 600  
 aaagttcatc cggtatatct atgttaaccc caagatggac tgagttctgt atggcagaac 660  
 tattgtgtt ctctccctt ctcatgccc tggtaactc tcctaccagg ttctcttctg 720  
 attgactgaa ttgtgtgtatgc cattgttgc cttccctttt tcccttggg cattccttcc 780  
 ccagagaggg cctggaaatt ataaatctt atcacataag gattatataat ttgaactttt 840  
 taagttgcct ttagtttgg tcctgatttt tcttttaca attaccaaaa taaaatttat 900  
 taagaaaaag aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

35

40 45  
gaacgtgatg ggaactttgg gaggatgtct gagaaaaatgt ccgaaggat tttggccaac 60  
accagaaaaac gccaatgtcc taggaattcc ctcccaaaat gtttccaaa aaattactca 120  
ttgacaattc aaattgcact tggctggcgg cagcccgggc ggccttcagt ccgtgtgggg 180  
cgcccgcgtg gccttctcct cgtaggactc cccaaactcg ttcactctgc gtttatccac 240  
aggataaagc caccgctggt acaggttagac cagaaacacc acgtcgccc ggaagcaggc 300  
cagccggtga gacgtgggca tggtgatgat gaaggcaaag acgtcatcaa tgaaggtgtt 360  
gaaaggcttg taggtgaagg ccttccaggg cagatgtgcc actgacttca actttagtt 420  
cacaagagc tggggcagca tgaagaggaa accaaaggca tagacccgt tgacgaagct 480  
gttgatttaac caggagtacc agctcttata tttgatattc aggagtgaat agacagcacc 540  
cccgacacag agagggtaca gcaggtatga caagtacttc atggcctgag tatcgtaactc 600  
ctcggttttc ctctcagatt cgctgttaatg gccaaactga aattcggca tcaggcctct 660  
ccaaaaaaata gtcatcttca atgccttctt cacttccac agctcaatgg cggctccaac 720  
acccggcggg accagcacca gcaggctcgt ctgctcgtcc agcaggaaca gaaagatgac 780  
cacggtgctg aagcagcgcc agagcactgc cttggtgac atgcccata tgctcttctt 840  
35 40 45 cttctccag aaactgtatgt cattttaaa ggccaggaaa tcaaagagaa gatggaacgc 900  
tgcgacaaag aaggtcagcg ccaggaagta taagttggta tctacaaaaa ttcccttcac 960  
ctcatcagca tctttctctg aaaacccgaa ctgctcgtcagg gagtacacgg cgtcctgcat 1020  
gtggatccag aagcgcagcc gccccagtga gaccctgtcg taggacacgg tgagggcag 1080  
ctcggtggtg gagcggttta tgaccatcag gtccttcacg cggttgtga gctggtcgt 1140  
gaacaggatg ggcaggtaat gcacggttt cccagctgg atcatctca tgtaccgatg 1200  
cacatcgca ggcaggagg acccgtaaa gacaaagtt tccgcata cggtcagcgc 1260  
cagccgcgtt cgccagtggg acactggctc atccaggggca ctcgtcggct tcttctccgc 1320  
ctcgatctgc tgtgtatcag actccccgtt gagcagggtt atttcttctg gcttggggac 1380  
catgttaggtg gtcagaggac tgaccaggtt cacctgttc cctgtgtgcc acggcaggac 1440  
cccagcgtga tggaggaaga ttaggcata cagcgtccca ttgtttctcg ttttcttgg 1500  
tacagaaaaca ttaactgtcc ttcaattt ggactccaca tcaaagtctt ccacattcaa 1560  
gaccaggtcg atgttgttct cagcacccag gtgggacctc gtcgtgtgt acacgctcag 1620  
ctgcagcttgc ggcgcggcgtt ccaggttaggg ctggatgcag ttggcgtcgc cggagcacgg 1680  
gcgggtgttag acgatgcgtt acatgacca gcaggtgtgc accacgtaga ccacgaacac 1740  
gcccaccacc aagctggtga aggagctcgccccc

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare

---

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

aaaataagta ggaatgggca gtgggtattc acattcacta cacctttcc atttgctaat 60  
30 aaggccctgc caggctgggaa gggattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120  
acaccatcta cgggcaccat ggaactgctt caagtgacca ttcttttct tctgcccagt 180  
atttgcagca gtaacagcac aggtgttta gaggcagcta ataattcact tgttgttact 240  
acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tgttgtcaca 300  
ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcacaatg aattacttaa aatgtctcg 360  
35 atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgat 420  
gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480  
gctgtttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctcagagttc aattaaaaca 540

acagaaaatac caggtagtgt tctacaacca gatgcacac cttctaaaac tggcacatta 600  
 acctcaatac cagttacaat tccagaaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcactgag 660  
 ggtggaaaaaa atgcaagcac ttcagcaacc agccggctt attccagttat tattttgccg 720  
 5 atgtgctgga aggcagatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtcgtat 840  
 aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtcgt tgagcactct 900  
 gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gagaattctt ctccacaccc aggcaataat 960  
 tacgcttaat cttcagcttc tatgcacccaa gcgtggaaaa ggagaaagtc ctgcagaatc 1020  
 aatcccgact tccatacctg ctgctggact gtaccagacg tctgtccag taaagtgtat 1080  
 10 tccagctgac atgcaataat tgatggaaat caaaaagaac cccggggctc tctgttete 1140  
 tcacatttaa aaattccatt actccattta caggagcggtt cctagaaaaa ggaatttttag 1200  
 gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gcccaggagg tgggctcgct gataggcatg 1260  
 actttccta atgtttaaag tttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttccta 1320  
 15 ctttctcggtt gttcttata ttacctactg ttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380  
 gcagggaaaaa gttgcacgtg tattattaaa tatttagtag aaatcataacc atgctacttt 1440  
 gtacatataa gtattttattt cctgcttcg tttactttt aataaataac tactgtactc 1500  
 aatactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

---

```

eacttgggea cccccatttt etaaaaaaaaat ggaaatetgg agggcaaaaa aggtgtgtg 60
aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttccaaa ctatgttagg aatggaatgg 120
atagcaaatg gatcctttt ggccctcctt ggagcatgcc ttccctatct tattccttggc 180
cccactaaag cagaacgtta cgatatttc tgttttgcc attggatgcc tatctggcca 240
10 aacaggcctt ccctaattgg aaaatgcagt cctgttaaa acctttgatt tacgactact 300
tgtacatgct tgctcattac aattttgaca ttttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360
cagtgaaaca tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgctttaca 420
gtggcaagcc aattttgaaa tatctcatt aaaactcaga cccattcac tgagttatac 480
tttaatagc ttcctcagca cactattcc catgcattaa atatgataaa ataatctatc 540
actgcccattc ggtcttgaa aaaggaagtc tgaatacaga gcccacaaca ctaaaattgt 600
tttcttagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggactc cctgacaggt 660
ggattggaaa acgggtttt aagagaagag aacattttaa cataaatgtc attaagaatc 720
ccaaaggcct tatttgcac caccgtcccg

```

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1620 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:~~

10	gcaattcccc cctcccacta aacgactccc agtaattatg tttacaaccc attggatgca 60
	gtgcagccat tcataagaac cttggtgccc cagaaaaatc tgtcctttt ggtaccaaac 120
	ctgaggtctt ttggaagata atgttagaaaa ccactaccta ttgaaggcct gtttggcta 180
	atctgtcaa actctgatga tacctgcctt atgtggattc tttccacac tgcttcatt 240
	tttaagtata aagacttaga aaactagaat aatgctttt caaataatta aaagtatgtg 300
	atgttctggg tttttcctt ctttttagaa cccgcctcc attaaaaaaaaa taaaaaaaaa 360
	aaaaaaaaact tttaacattt aaaaaataaa aattaacaaa atticactta ttccaggaca 420
	cgctggcatt tggactcaat gaaaaggca cctaaagaaa ataaggctga ctgaatgtt 480
	tccataattt tcacacaata acagtcctt tctatccagc ttgccttcca tttatctcta 540
	gggttagctt ttcaggaac atccttggc attgcccaga aagtacctga gctatcagtg 600
	attggaatgg cacagggaaac cgaatcacat gggtgcctc cccttggtt tcaagtatct 660
20	tggagttgtc cacaaaaatt aggtcatgcc ttcagtgtct tggtctttaa acctaccctt 720
	tgacaatcag gtgctaatga ttgtatacta ttaaaaaccag cacataagta ttgtaaatgt 780
	gtgttccctcc taggttgaa gaaatgtctt tccttctatc tgggtcctgt taaagcgggt 840
	gtcagttgtg tcttttacc tcgatttgc aattaataga attggggga gagggaaatga 900
	tgatgtcaat taagtttcag gtttggcatg atcatcattc tcgatgatat tctcacttg 960
25	tcgcaaatct gcccttatcg taagaacaag tttcagaatt ttccctccac tatacgactc 1020
	cagtattatg ttacaatcc attggatgag tgcaacatc taagacctt gtgcccagaa 1080
	aaatctgtcc tttttggtaa caaacctgag gtcttttggaa agataatgt aaaaaccact 1140
	acctattgaa ggcctgttt ggctaattcg tgcaaactct gatgataacct gcttatgtgg 1200
	attctttcc acactgcctt cattttaaag tataaagact tagaaaaacta gaataatgct 1260
30	tttacaaata attaaaagta tttttttttt cttttttttt agaaccctgt 1320
	atttaaacaat gccttctttt taagtcttgt ttgaaattta agtctcagat cttctggata 1380
	ccaaatcaaa aacccaacgc gtaaaacagg gcagtatttgc ttgccttaat tttaaaaagc 1440
	tttatgtata ctctataat atagatgcat aaacaacact tcccttgag tagcacatca 1500
	acatacagca ttgtacatca caatgaaaat gtgtactta agggattat atatataat 1560
35	acatatatac ctttgcataacc ttatactgt aaataaaaaa gttgcctttag tcaaaaaaaaaa 1620

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

20 gaaaaagtag aaggaaacac agttcatata gaagtaaaag aaaaccctga agaggaggag 60  
gaggaggaag aagaggaaga agaagatgaa gaaagtgaag aggaggagga agaggaggga 120  
gaaagtgaag gcagtgaagg tgatgagggaa gatgaaaagg tgtcagatga gaaggattca 180  
ggaaagacat tagataaaaaa gccaaagtaaa gaaatgagct cagattctga atatgactct 240  
gatgtatgtc ggactaaaga agaaagggtc tatgacaaag caaaacggag gattgagaaa 300  
cggcgacttg aacatagtaa aaatgtaaac accgaaaagc taagagcccc tattatctgc 360  
gtacttgggc atgtggacac agggaaagaca aaaattctag ataagctccg tcacacacat 420  
gtacaagatg gtgaagcagg tggtatcaca caacaaattg gggccaccaa tggccctctt 480  
gaagctatta atgaacacagac taagatgatt aaaaattttg atagagagaa tgtacggatt 540  
ccaggaatgc taattattga tactcctggg catgaatctt tcagtaatct gagaaataga 600  
30 ggaagctctc tttgtgacat tgccattttt gttgttgata ttatgcattt tttggagccc 660  
cagacaattg agtctatcaa ccttctcaaa tctaaaaat gtcccttcat tggcactc 720  
aataagattg ataggttata tgattggaaa aagagtctg actctgatgt ggctgctact 780  
ttaaaagaagc agaaaaaagaa tacaaaagat gaatttgagg agcgagcaaa ggctattatt 840  
gtagaatttg cacagcaggg tttgaatgct gctttgttt atgagaataa agatccccgc 900  
35 acttttgtt ctttggtacc tacctctgca catactggg atggcatggg aagtctgatc 960  
taccttcttg tagagttaac tcagaccatg ttgagcaaga gacttgcaca ctgtgaagag 1020  
ctgagagcac aggtgatgga gttaaagct ctcccgggaa tggcaccac tatagatgtc 1080  
atcttgatca atgggcgttt gaaggaagga gatacaatca ttgttccctgg agtagaaggg 1140  
40 cccatgtaa ctcagattcg aggccctcctg ttacctcctc ctatgaagga attacgagtg 1200  
aagaaccagt atgaaaagca taaaagaagta gaagcagctc aggggtaaa gattcttgg 1260  
aaagacacctgg agaaaacatt ggctggttt cccctccttg tggcttataa agaagatgaa 1320  
atccctgttc ttaaaagatga attgatccat gagttaaagc agacactaaa tgctatcaa 1380  
ttagaagaaa aaggagtcta tgtccaggca tctacactgg gttctttgg 1440

5	gaatttctga aaacatcaga agtgcctat gcaggaatta acattggccc agtgcataaa 1500
	aaagatgtta tgaaggcttc agtcatgttg gaacatgacc ctcagtatgc agtaattttg 1560
	gccttcgatg tgagaattga acgagatgca caagaaatgg ctgatagttt aggagttaga 1620
	attttagtg cagaaattat ttatcatta tttgatgcct ttacaaaata tagacaagac 1680
10	tacaagaaac agaaacaaga agaatttaag cacatgcag tattccctg caagataaaa 1740
	atcctccctc agtacattt taattctcga gatccgatag tgatgggggt gacggtgaa 1800
	gcaggtcagg tgaaacaggg gacacccatg tggatccaa gcaaaaattt tggatccatc 1860
	ggaatagtaa caagtattga aataaacat aaacaagtgg atgttgc当地 1920
	gaagtttgtg taaaaataga acctatccct ggtgagtc当地 ccaaaaatgtt tggaaagacat 1980
15	<u>10 tttgaagcta cagatattct tgtagtaag atcagccggc agtccattga tgcactcaaa 2040</u>
	gactgggtca gagatgaaat gcagaagagt gactggcagc ttatgtgga gctgaagaaa 2100
	gtatttgaaa tcatctaatt tttcacatg gaggcagaa tggagtaat gcaatactgt 2160
	gtttaatat cccaaacaaa atcagacaaa aaatggaca gacgtatttg gacactgtat 2220
	gacttaagta tggaaaggaag aaaaataggt gtataaaatg tttccatga gaaacccaaga 2280
20	aacttacact gtttgacag tggtcagtt catgtccccca cagttccat gtgcctgttc 2340
	actcacctct cccttccccca acccttctct acttggctgc tggatccaaatg tttcccttc 2400
	cccaaatttg gattttattt acagatctaa agctcttc当地 attttataact gattaaatca 2460
	gtactgcagt attttagttt aaaaaaaaaa gcaagatttt tgattcttgg gactttttt 2520
	acgtaaagaaa tacttctta tttatgcata ttcttccac agttagttt ccaggattct 2580
	tctgccatat gcctttaggg cttttataaa atagaaaattt aggcatctg atatttctt 2640
	agctgcttg tggatccaa tggatccaa gcaagatttt ctgctttta ctgcttgc当地 2700
	agtcacgat ccattgtat catcacaatt ctaaaccaaa ctaccaataa agaaaacaga 2760
	catccaccag taagcaagct ctgtagtgc当地 tccatggta gtttgc当地 ctctccac 2820
25	agttgtcctc cttaggacaag gaattatctt aacaaactaa actatccatc acactacctt 2880
	ggtatgccag cacctggta acagtaggag attttataca ttaatctgat ctgttaatc 2940
	tgatcggtt agtagagatt ttatacat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

10

```

aaatttaaag accctccccc gaatcaatac tttcctggat ttggtaact gcgtcatgta 60
tttaagggag gcaccgaaag ccatcatgac tgggtgtgct ttgaaacaca ctatgtgca 120
tagtgctgg ccaacagcat cttctttgct gacctatatg ttcattttc cagatcaacc 180
tttcggcct tccttgcgg gcaataacag cgtacctaatt tactgcaaaa atgatgaagg 240
15 gatatatttc ctggcagctg agccctggaa ccctgacggt tgcgtaccat gcatctgcat 300
tgatagcgta attagctgtt tctctgagtc ctgccttct gtatcctgtg aaagacctgt 360
cttgagaaaa ggccagtggtt gtccctactg cataaaagac acaattccaa agaaggtgg 420
gtgcacttc agtggaaagg cctatgccga cgaggagcgg tgggaccttgc acagctgcac 480
ccactgctac tgcctgcagg gccagaccct ctgctcgacc gtcagctgcc cccctctgcc 540
20 ctgtgttgag cccatcaacg tggaaaggaag ttgctgcccata atgtgtccag aaatgtatgt 600
cccagaacca accaatatac ccattgagaa gacaaaccat cgaggagagg ttgacctgga 660
ggttccctgt tggcccacgc ctatgtaaaa tgatatcgatc acatctccct agagatatgg 720
gtcacctgccc aggtagatta cagagataac aggctgcacc caagtgaaga ttcttcactg 780
gactccatttgc cctcagttgtt gttccata attatatgcc tcttattat aatagcattc 840
25 ctattcatca atcagaagaa acagtggata ccactgctt gctggatcg aacaccaac

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

---

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

15 gcagtacctg gagtgtcctg cagggggaaa gcgaaccggg ccctgaagtc cggggcagtc 60  
 acccggggct cctggggcgc tctgccggc tggggcttag cagcgatcct gctttgtccc 120  
 agaagtccag agggatcagc cccagaacac accctcctcc ccgggacgccc gcagcttct 180  
 ggaggcttag gaggcatga agagtggct ccacctgctg gccgacttag aaaaagaattt 240  
 ccagaactcg gtcctatttt acagatttag aaactatgtt tcaagaagag aggacggggc 300  
 20 ttgagggaat ctcctgattc tccttatatg acctcaaact gaccatacta aacagtgttag 360  
 aaggctttt taaggctcta aatgtcaggg tctcccatcc cctgatgcct gacttgtaca 420  
 gtcagtgtgg agtagacggt ttccctccacc cagggttgac tcagggggat gatctgggtc 480  
 ccattctggt cttaaagaccc caaacaaggg tttttcagc tccaggatct ggagcctcta 540  
 tctggtagt gtcgtaacct ctgtgtgcct cccgttaccc catctgtcca gtgagctcag 600  
 25 ccccatcca cttaaacaggg tggccacagg gattacttag ggttaagacc ttagaactgg 660  
 gtcttagcacc cgataagagc tcaataaaatg ttgttcctt ccacatcaaa aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 395 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

30 ccaataacttc attcttcatt ggtggagaag atttagact tctaagcatt ttccaaataa 60  
 aaaagctatg atttgatttc caactttaa acattgcatt tcctttgcca tttactacat 120  
 tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaat 180  
 atgatttatta cattggaatc ctttagccta tgtgatattt ctttaacttt gcactttcac 240  
 gcccagtaaa accaaagtca ggtaaccaa tgtcattta caaaatgtta aaaccctaat 300  
 tgcagttcct ttttaaatt atttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcaaaaaa 360  
 agaagcaagg aaagcattct taattctacc atcct

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 134 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

45 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

~~(vi) HERKUNFT:~~

---

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

20 ccctcgagcg gcccgggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60  
aaccctaaaa gctgcctggc tttcagcaac aggcttatca acaccatggt gagtctccat 120  
aagggacacc gtgt

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 644 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

15 aagcctgttg tcatggggga ggtgggtggcg cttgggtggcc actggcggcc gaggttagagg 60  
 cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagattga ggcttaagca acttcttccg 120  
 gggaaagagtg ccagtgcagc cactgttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180  
 ggaatattgg tggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga ggaaactgag 240  
 gcttggtgaa gttacgaaac ttgtccaaa tcacacaact tgtaaaggc acagccaaga 300  
 20 ttcagagcca ggctgtaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagttt aggagaaaaga 360  
 aggatgttta tgccatcgag gccagtcgtc cacatcagtg gcagacagat gaagaaggcg 420  
 ttcgcaccgg aaaatgttagc ttcccggtt agtaccttgg ccatgttagaa gttgatgaat 480  
 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagtct 540  
 tcaaaggctt ctttggaaaa actggaaaga aagcagttaa agcagttct gtgggtctaa 600  
 25 gcagatggac tcagaggttg tggatgaaaa actaaggacc tcat

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 657 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

12  
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

ctttttgttt gggtttcca atgttagatgt ctcagtgaaa tgtgcagata tactttgttc 60  
cttatatatggt caccagtggt aattatggac aaatacatta aaacaagggt tcctggccca 120  
gcctcccatc taatctcttt gatactctg gaatctaagt ctgaggagcg atttctgaat 180  
tagccagtgt tgtaccaact ttctgttagg aattgttatta gaataacctt tctttttcag 240  
acctgctcag tgagacatct tggggaatga agtaggaaaa tagacatttgcgtggaaaaac 300  
agcaaaatga gaacattaaa aagactcatt caagtatgag tataaaggc atggaaattc 360  
tggtcctttg agcaaaatga gaagaaaaaa ttctgctcag cagtattcac tgtgttaaga 420  
tttttgttt tttacacgaa tggaaaaatg atgtgttaagt ggtatagatt ttaatcagct 480  
aacagtcact ccagagattt tgatcagcac caattcctat agtagtaagt attaaaaagt 540  
taagaaatac tactacattt aacattataa agtagatgtc tggacataac tgaaaattag 600  
atgttgctt caatagaaat ttgttccac ttgtatatttc aacaaaatta tcggaac

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

20 acaattttaa aataaacttagc aattaatcac agcatatcag gaaaaagtac acagttagtt 60  
ctggtagtt ttttaggct cattatgggt agggcgtt aagatgtat aagaacctac 120  
ctatcatgct gtatgtatca ctcattccat tttcatgttc catgcatact cgggcattcat 180  
gctaataatgt atccctttaa gcactctcaa gaaaaacaaaa gggcctttta tttttataaa 240  
ggtaaaaaaaa attcccaaa tattttgcac tgaatgtacc aaaggtgaag ggacattaca 300  
atatgactaa cagcaactcc atcacttgag aagtataata gaaaatagct tctaaatcaa 360  
acttccttca cagtgcctgt tctaccacta caaggactgt gcatctaagt aataatttt 420  
taagattcac tatatgtgat agtatgatgcattt aaaaatgcatt agactcttt 480  
ccatccatca aataactttac aggatggcat ttaatacaga tatttcgtat ttccccact 540  
gctttttatt tgcacagcat cattaaacac taagctcagt taaggagcca tcagcaacac 600  
tgaagagatc agtagtaaga attccattt ccctcatcag tgaagacacc acaaattgaa 660  
30 actcagaact atatttctaa gcctgcattt tcactgtatgc ataattttct tagtaatatt 720  
aagagacagt ttttctatgg catctccaaa actgcattgc atcacttagtc ttacttctgc 780  
ttaattttat gagaaggat tcttcatttt aattgtttt gggattactc cacatcttg 840  
tttattttctt gactaatcag attttcaata gagtgaagtt aaattggggg tcataaaagc 900  
attggattga catatggttt gccagccat gggtttacag gcattgccc aacatttctt 960  
35 tgagatctat atttataagc agccatggaa ttccttattt gggatgttgg caatcttaca 1020  
ttttatagag gtcataatgca tagtttcat aggtgtttt gtaagaactga ttgctctcct 1080  
gtgagatggaa ctatgttac tactgggacc ctcaagagga ataccacttata ttttacactc 1140  
ctgcactaaa ggcacgtact gcagtgtgaa gaaatgttct gaaaaagggt tatagaaaatc 1200  
tggaaataag aaaggaagag ctctctgtat tctataattt gaaagaaaaaa aaagaaaaac 1260  
40 ttttaactgg aaatgttagt ttgtacttat tgatcatgaa tacaagtata tatttaattt 1320  
tgaaaaaaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 987 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

10 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

25

aacagagact	ggcacaggac	ctcttcattg	caggaagatg	gtatgttagg	caggtaacat	60
tgagctttt	tcaaaaaagg	agagctcttc	ttcaagataa	ggaagtggta	gttatggtag	120
taaccccccgg	ctatcagtcc	ggatgggtgc	cacccttcct	gctgttaggat	ggaagcagcc	180
atggagtggg	agggaggcg	aataagacac	ccctccacag	agcttggcat	catgggaagc	240
tggttctacc	tcttcctggc	tcctttgttt	aaaggcctgg	ctgggagcct	tcctttggg	300
tgtctttctc	ttctccaacc	aacagaaaag	actgctcttc	aaagggtggag	ggtcttcatg	360
aaacacagct	gccaggagcc	caggcacagg	gctggggcc	tggaaaaagg	agggcacaca	420
ggaggaggga	ggagctggta	gggagatgct	ggcttacct	aaggctcga	aacaaggagg	480
gcagaatagg	cagaggcctc	tccgtcccag	gcccatttt	gacagatggc	gggacggaaa	540
tgcaatagac	cagcctgcaa	gaaagacatg	tgttttgatg	acaggcagtg	tggccgggtg	600
gaacaagcac	aggccttgg	atccaatgga	ctgaatcaga	accctaggcc	tgccatctgt	660

cagccgggtg acctgggtca attttagcct ctaaaagcct cagtctcctt atctgcaaaa 720  
 tgaggcttgt gatacctgtt ttgaagggtt gctgagaaaa ttaaagataa ggttatccaa 780  
 aatagtctac gccatacga ccctgaacgt gcctaatctc gtaagctaag cagggtcagg 840  
 cctggtagt acctggatgg ggagagtagt gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900  
 5 actctgtctt aacagtagcg tggcacacag aaggcactca gtaaatactt gttgaataaa 960  
 tgaagttagcg atttggtgtg aaaaaaaa

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 42:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 956 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

35 cggacgggtgg ggcggacgcg tgggtgcagg agcagggcgg ctgcccactg ccccaaccaa 60  
 ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgcctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120

ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccggc tggccctgtg cagaccttac 180  
 tcaggggatg tttacctgg tctcgaaaag ggaggggaag gggccgggaa gggggcacgg 240  
 caggcgtgtg gcagccacac gcaggcgcc aggcgccca gggacccaaa gcaggatgac 300  
 5 cacgcaccc cacgccactg cctcccccga atgcatttgg aaccaagtc taaactgagc 360  
 tcgcagcccc cgccctcc ctccgcctcc catcccgctt agcgctctgg acagatggac 420  
 gcaggccctg tccagcccc agtgcgctcg ttccggtccc cacagactgc cccagccaac 480  
 gagattgctg gaaaccaagt caggccaggt gggcggacaa aagggccagg tgcggctgg 540  
 ggggaacgga tgctccgagg actggactgt tttttcaca catcggtgcc gcagcggtgg 600  
 gaaggaaagg cagatgtaaa tgatgtgtt gtttacaggg tatattttt ataccttcaa 660  
 10 tgaattaatt cagatgtttt acgcaaggaa ggaattttttt agtattactg ctgcgtgtct 720  
 tttgatctct gcttaccgtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcgggtg accccatcac 780  
 tcgcaggacc aagggggcgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtctt ccctcccttc 840  
 cttcccttgg gcagaatgaa ttgcgtgcgtt attctgtggc cgccatctgc gcagggttgtt 900  
 ggtattctgt catttacaca cgtcggtctt attaaaaaagc gaattataact ccaaaa

15

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:**

**(i) SEQUENZ CHARÄKTERISTIK:**

20 (A) LÄNGE: 536 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

5 aaataaacac ttccataaca tttgtttc gaagtctatt aatgcaatcc cacttttc 60  
 cccctagtt ctaaatgtta aagagagggg aaaaaaggct caggatagtt ttcacccac 120  
 agtgttagct gtctttatt ttactcttg aaatagagac tccattaggg tttgacatt 180  
 ttggaaaccc agtttacca ttgtgtcagt aaaacaataa gatagttga gagcatatga 240  
 tctaaataaa gacatttga gggtagttt gaattctaaa agtaggtat agccaaatag 300  
 10 cattctcatc ccttaacaga caaaaactta tttgtcaaaa gaatttagaaa aggtgaaaat 360  
 atttttcca gatgaaactt gtgccactc caattgacta atgaaataca aggagacaga 420  
 ctggaaaaag tgggttatgc cactttaaa acccttctg gtaaatatta tggtagctaa 480  
 agggtggttt ccccggcacc tggacctgga caggtagggt tccgtggta accagt

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

5	ggggaggggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60 gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgttt ccatccctc ccagacaagc 120 tetatttta teacaatgac ettttagagag gtetcccagg ceageteaag gtgttccaaat 180
10	atcccctctg gagggaagag gcagggaaaat tctcccccggg tccctgtcat gctactttct 240 ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300 gtgatttccc tttaggcccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccctc tgggcccatt 360 catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420 gactttaccc tattggccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagaggt 480 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540 gacaggattt gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaaatgc attccatgtat 600 attaggaagt cgggggtggg tgggtgggt gggctagttg gtttgaatt taggggcccga 660 tgagcttggg tacgtgagca ggggtttaag tttaggtctg cctgtatttc tgggcccatt 720 ggaaatgtcc ctttcttcag tgtcagaccc cagtccttccatgtc tgcccatatcg tgcccagaaa 780 agtagacatt atccctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgaccttagct agtgcctgg 840 20 gcccaagtgc ctgggggagc ctggctgcag gccctcaactg gttccctaaa ctttggggc 900 tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960 gagttggctg gttagagcatt cttagaggttca agaatattag cttcaggatc agctgggggt 1020 atggaaattgg ctgaggatca aacgtatgtt ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080 tgagggacacag tttgggtttt ggacttacca ggtgtatgtt agatctggaa cccccaagtg 1140 aggctggagg gagttaaaggc cagtagatggaa gatagggttgc gacagggttgc ctttggatag 1200 25 aaagagtgcac cttagagggc tcctgggccc tcaggaatgc tcctgctgtc gtgaagatga 1260 gaaggggtctc ttactcagtt aatgtatgtt gactatattt accaaagggcc ctacctgtct 1320 ctgggtccct ttagcacag gagactgggg ctaaggccc ctcccagggg agggacacca 1380 tcaggccctc ggctgaggca gttagcataga ggatccattt ctacctgtcat ttcccagagg 1440 actagcagga ggcagccttgc agaaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500 30 cattgtcaact gccctctccc caaccctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560 cctcttgccct tttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620 caaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 169 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

15

tcttttgctt ttagctttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggtctga 60  
taaaaactggt ttatgatctt cagtctgatt ccagtgctgc ataacttagat aacgtatgaa 120  
ggaaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttgaaaga cttagttga

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 769 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

tgccaggcat atttactatc ggcaataaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcggtgg 60  
 atttgcgct ttcactttt ataaagtgt acataaaatg tcataattcc aaatttaaaa 120  
 15 acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttgaaaa 180  
 aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240  
 aaggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300  
 ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360  
 20 cttcatataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420  
 ggcagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcataat ataggcagct cctgatcatc 480  
 catgccatg aatgagaaaa caagcatgga atatataaac ttaacattt aaaaatgttt 540  
 tattttgtaa taaaatcaaa tttcccatgg aaaccttcaa aaacttgca gaatgaggtt 600  
 ttgatatatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcattt tttctgtctg 660  
 25 cctgcctttt tgttttaaa aatgaagact atcattgaaa caagtttgc ttcagtatca 720  
 ggacatgttg acggagagga aaggtaggaa aggttaggg atagaagcc

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2529 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

15

tttagttcat	agtaatgtaa	aaccatttgt	ttaattctaa	atcaaatcac	tttcacaaca	60
gtgaaaatta	gtgactgggt	aagggtgtcc	actgtacata	tcatcatttt	ctgactgggg	120
tcaggacctg	gtcctagtc	acaagggtgg	caggaggagg	gtggaggcta	agaacacaga	180
aaacacacaa	aagaaaggaa	agctgcctg	gcagaaggat	gaggtggta	gcttgcgcag	240
20 ggatgggtgg	aagggggctc	cctgttgggg	ccgagccagg	agtcccaagt	cagctctcct	300
gccttactta	gctcctggca	gagggtgagt	ggggacctac	gaggttcaaa	atcaaattggc	360
atttggccag	cctggcttta	ctaacaggtt	cccagagtgc	ctctgttggc	tgagctctcc	420
tgggctca	ccatttcatt	gaagagtcca	aatgattcat	tttccttaccc	acaactttc	480
attattcttc	tggaaaccca	tttctgttga	gtccatctga	cttaagtctt	ctctccctcc	540
25 actagttggg	gccactgcac	tgagggggggt	cccaccaatt	ctctctagag	aagagacact	600
ccagaggccc	ctgcaacttt	gcggatttcc	agaaggtgat	aaaaagagca	ctcttgagtg	660
ggtgcccagg	aatgtttaaa	atctatcagg	cacactataa	agctgggtgt	ttcttcctac	720
caagtggatt	cggcatatga	accacact	caatacttta	tattttgtct	gtttaaacac	780
tgaactctgg	tgttgacagg	tacaaaggag	aagagatggg	gactgtgaag	aggggagggc	840
30 ttccctcatc	ttcctcaaga	tctttgttcc	cataaaactat	gcagtcataa	ttgagaaaaa	900
gcaatagatg	gggcttccta	ccatttgttg	gttattgctg	gggttagcca	ggagcagtgt	960
ggatggcaaa	gtaggagaga	ggcccagagg	aaagcccattc	tccctccagc	tttggggct	1020
ccagaaaagag	gctggatttc	tgggatgaag	cctagaaggc	agagcaagaa	ctgttccacc	1080
45 aggtgaacag	tcctacactgc	ttggtaccat	agtccctcaa	taagattcag	aggaagaagc	1140
ttatgaaact	gaaaatcaaa	tcaaggtatt	gggaagaata	atttcccctc	gattccacag	1200
gagggaagac	cacacaatat	cattgtctg	gggctcccca	aggccctgcc	acctggctt	1260
acaaatcatc	aggggttgcc	tgcttggcag	tcacatgctt	ccctggttt	agcacacata	1320
caaggagttt	tcagggaaact	ctatcaagcc	ataccaaaat	cagggtcaca	tgtgggttc	1380
cccttcctt	gcctcttcat	aaaagacaac	ttggcttctg	aggatggtgg	tctttgcatt	1440
40 gcagttgggc	tgacctgaca	aagcccccag	tttccctgtgg	caggttctgg	gagaggatgc	1500
attcaagctt	ctgcagccta	ggggacagagg	ctgcttgttc	agttattact	gcctcggagc	1560
tccaaatccc	accaaagtcc	tgactccagg	tctttcctaa	tgcacagtag	tcagtctcag	1620
cttcggcagt	attctcggct	gtatgttctc	tggcagagag	aggcagatga	acatagttt	1680
45 agggagaaag	ctgatggaa	acctgtgagt	taagccacat	gtctcaccag	gaataattta	1740
tgccagaaaa	ccaggaagtc	attcaagttg	ttctctgagg	ccaaagacac	tgagcacacg	1800
ccagagccaa	taaaagatct	ttgagtctt	ggtgaattca	cgaagtgacc	ccagctttag	1860

ctactgcaat tatgat~~ttttt~~ atgggacagc aatttcttgc atctctacag aggaagaaga 1920  
 gggggagtgg gaggggaagg aaagagaaca gagcggcact gggattgaa aggggaacct 1980  
 ctctatctga ggagccccca ctggcttcag aagcaactta ccaagggta tttaaagaca 2040  
 5 tgaaaatttc cagaaatacc atttggtgca tccctttgtt tctgtaatat taaactcagg 2100  
 tgaaaattata ctctgacagt ttctctctt ctgcctcttc cctctgcaga gtcaggacct 2160  
 gcagaactgg ctgaaacaag atttcatggt gtcacccatg agagatgact caatgcaag 2220  
 gcctgaagt atagagtgtt tacagcggtg gcgatattca ggggtcatcg ccaactggc 2280  
 tcgagttcca aagctctgat gaagaaacaa gactccttga tgtgttactg atcccactga 2340  
 ttccaggagt caagattagc caggaagcca aacaccagga gttggggtgg cacgtcacca 2400  
 10 gtccagagcc ctgccacgga ~~tgtacgcagg agcccagcat taggcaatca ggagccagaa~~ 2460  
 catgatcacc agggccacaa ataggaagag gcgtgacagg aactgctcg ccacataacct 2520  
 ggggtgtcc

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

tttttttttt ttttgattt ctgggacaat taagcttat ttttcatata tatatatatt 60  
 ttcatatata tatatacata catatataaa gaaacaatt tgcaaattt cacacctgac 120  
 aaaaccatat atacacacat atgtatgcat acacacagac agacacacac acccgaaagct 180  
 5 ctagccaggc ccgtttcca tccctaagta ccattcttc atttggccc ttctagggtt 240  
 ggggcctga gcttggttg tagaagttt gtcataat aaccatagct ttaatccca 300  
 tgaaggacag ttagacactc atctttgtct gtcggcgt gccttcagt ttacgtgat 360  
 ccatcaagag ggctatggg gccaagtgaa cacggggat tgaggctaat tcacctgaac 420  
 tcgaaaacag cgcccagctt ctcacccgca ggcacgcgtc ttttctttt ttttctcga 480

---

10 gacggagtct cgctgtgtt cccaggctgg agtgcagtgg cacggctcg gctcaactgca 540  
 agctccaccc cctggattca taccattctc ctgcctcagc cttccgagta gctggacta 600  
 taggtgccaa ccactacgcc tagctaattt tttttgtat ttttagtaga gacagggtt 660  
 caccgtgtt gccaggatgg ttcgtcctg actttgtat ccggccct cggcctccca 720  
 aagtgtctggg attacaggcg ttagccacca cacctggccc cggcactat ctttaagga 780  
 15 atgacacccag ttccctggctt ctgacccaaag aaaaaatgtc acaggagact ttgaagaggc 840  
 agacaggagg gtgggtggcag caacactgca gtcgttctg gatgctgctg ggggtgctc 900  
 cggagcgggt gtgaacagcg cacttcaaca tgagcaggcg cttggctccg gtgtgtcctc 960  
 acttcagtgg tgcaccttgg tggtaagc cagccttgg ggcaggaaac cagtcagag 1020  
 aggctaccca gtcagctgc tggcaggagc caggtattt cagccataat gtgtgtaaag 1080  
 aaaaaacacg ttctgcaaga aactctccca cccgctcggg agactgggc tccttgctt 1140  
 ggatgagctt cactcaacgt ggagatggg gtggactggt ccctgaaaag cgggccttgc 1200  
 25 agggccaagt gaggtcctca ggtcctaac ccagtggccc tctgaaaggg ggtgtgcagg 1260  
 cgaggggagc aggaggcttc tctctagtcc ctggggaggc ttggctgag agaagagtga 1320  
 gcagggagct gggaatggc caggcaggga agggagctga agtgcattgg gctaatgcc 1380  
 tcagatcgat gtatttctct ccctggctc ccggagccct ctgtcaccg ctgctgcct 1440  
 gcaggaggcc catctcttctt ggagcttat ctgacttaac ttcaactaca agttcgctc 1500  
 tacgagaccc ggggtagcgt gatctcctgc ttccctgagc gcctgcacgg cag

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 921 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

10

ctgtggtccc agctacttag gaggctgagg cgggaggatt gctttagccc aggagttgga 60  
 tgttgcagtg agccaaatgc gcaccattgc cttccactct gggccacgga gcaataccct 120  
 gtctcagaaa acaaacaaca aaaagcagaa acgctgaagg ggtcggttta cgggaaaacc 180  
 15 gcctgtcaga acacttggct actccttaccc cagatcagt gacctggaa tgagggttgg 240  
 tcccccggagg cttttctcca agctgttgc accagaccgg ccatgggaac cctggccaca 300  
 gaaggcctccc gggggagttag ccagagcctg gaccgctgtg ctgatgtgtc tgggggtggag 360  
 ggagggtggg gagtgtgcaa gggtgtgtgt gtggccgggg ggtgttcatg ggcaaggatg 420  
 20 tgcgtgcctg tgggtgtgcg tgccccctccc ctgcagccgt cgggtgtatc tccctccagc 480  
 cccttcgcaca ctttctgagc attgtctgtc cacgtgagac tgccccagaga cagcagagct 540  
 ccacgtgggt ttaaggggag acctttccct ggacctgggg gtctcgccgt atctcatgac 600  
 caggtgctaa atgaccgcac atgcatttacc tgcctttcga tgaccaacct ccctgtcccc 660  
 25 gtcccgctga cctgcccccg tggcgtctca cgggtatgcc tgctcctgac attgggttgc 720  
 actgttagcaa actacattct ggatggaaat tttcatgtac atgtgtggca tgtggaaaat 780  
 ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtggccctt ccagcacgg 840  
 tactttgacc tcttgcttac aacccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcaact 900  
 tcagatgggtt gggggcggtt g

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 338 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

30 atgatctatc tagatgcctt accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60  
 tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccatgtt agccaaactt tccaaaaatt 120  
 catgttctgt cttcatttcc tcatgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctca 180  
 aacgacctag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac catactcaat gatccttcgt 240  
 cactgttgc attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgctaca 300  
 gtaagaaaact ttctttcttg aattcttgg tctcttgg

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1191 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

15

ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccggggatgg 60  
 ctgtgtttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tggctct ctgtgccact 120  
 cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180  
 gcacattaca acaaagagct ggcagctct gaaggaaaag ggcttgcct gctgccgtc 240  
 aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300  
 tacatgtgtc tggctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtccgg 360  
 aatttctcta tttctccact ggtcaaaga gcgatttct ccctgcttct cttctgtcac 420  
 ccccgctcct ctccccccagg aggctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480  
 tctgactgtc cttgacttct aagaatggaaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540  
 ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600  
 aagacaaact aaagcaccag cattgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660  
 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720  
 accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatctg 780  
 aaaaagctga actgcaaatac tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840  
 ttgagccgac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagacag 900  
 aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960  
 ctaggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020  
 tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaagac tggagaaaagt acagttctgt 1080  
 cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtac aggagaaaa gtttaagatg 1140  
 35 atgggcaaaa gtccagtgtt ttcagtaaag tgctaatcac aagttggagg t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

25	aacagggact ctcactctat caaccccaagg ctggagtcgg gtgcggccac cctggctccc 60
	tgcaacctcc gcctcccaagg ctcagaac tctcctgcct cagtcgtct agtagctggg 120
	actacaggca cacaccacca tgcccagcca attttgcat tttttgtaga gacagggtt 180
	cgccttctgt ccaggccggc atcatatact ttaaatcatg cccagatgac ttaataacct 240
	aataacaatat atcaggttgg tttaaaaata attgctttt tattatttt gcattttgc 300
	accaaccta atgctatgt aatagttgtt atactgttgc ttaacaacag tatgacaatt 360
	ttggctttt ctttgtatta ttttgtattt tttttttta ttgtgtggc ttttttttt 420
30	ttctcagtgt tttcaattcc tccttggtt aatccatggg tgcaaaaccc acagatatga 480
	agggctggct atatatgcat tgatgattgt cctattatat tagttataaa gtgtcattta 540
	atatgtatgt aaagttatgg tacagtggaa agagtagttg aaaacataaa catttggacc 600
	tttcaagaaa ggtagttgg tgaagtttt caccttcaaa ctatgtccca gtcagggtc 660
	tgctactaat tagctataat ctttgcacaa attacatcac ctttgagtct cagttgcctc 720
35	acctgtaaaa taaaagaact ggatactctc taaggtcact tccagccctg tcattctata 780
	actctgttat gctgaggaag aaattcacat tgtgttaact gtatgagtca aactgaaaat 840
	gattattaaa gtgggaaaaa gccaattgtt tctcttagaa agctcaacta aatttgagaa 900
	gaataatctt ttcaatttt taagaattta aatatttttta agggttgac ctatttat 960
	agagatgggg tctcactctg tcacccagac tggagtacag tggcacaatc atagctcact 1020
40	gctgcctcaa attcatggc tcaagtgtat ctcctgcctc tgcctccaga gtagctgcga 1080

ctatgggcat gtgccaccac gcctggctaa catttgtatt gacctattta tttattgtga 1140  
 tttatatctt tttttttttt tctttttttt ttttttacaa aatcagaaaat acttattttg 1200

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

-----  
 (i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK-----

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

30 aagccaccac tcaaaaacttc ctatacattt tcacagcaga gacaagtcaa cattttttt 60  
 tatgcctttc ttcctatgtg tatttcaagt cttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120  
 gattcaatta gtcctgggc tggtcactg tgcaggagtc cagggagcct ctacaaatgc 180  
 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ctttcctcca 240  
 35 ggaatgtgcc atttcagatg cacagcaccc atgcagaaaa gctggaattt tccttggAAC 300  
 cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360

gtttcgcttg tgcccaggct gagtgcata cgtgatctca ctcactgcaa ttccaccc 420  
 aggttcaagc attctctgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480  
 ccggctaatt ttgtattttt gtagagatgg atttctccat ttggtcaggc ggtctcgaac 540  
 5 cccaacctca gtgatctgcc acctcagcct cctaaatgttt ggattacagg atgagccacc 600  
 cgaccggcca ctactgtctt tctttgaccc ttccagtttca gaagataaag agggaaataat 660  
 ttctctgaag tacttgataa aatttccaaa caaaacacat gtccacttca ctgataaaaaa 720  
 atttaccgca gtttggcacc taagagatg acaacagcaa taaaaagtaa tttcaagag 780  
 ttaagatttc ttcaaaaaa tagatgatc acatcttcaa gtccttttggaaatcagttt 840  
 ttaatattat tctttcctca ttccatctg aatgactgca gcaatagttt tttttttttt 900  
 10 ~~ttttttttttt ttgcgagatg gaatctcgat ctgcgcggca gggggagtgactggggcaaa~~ 960  
 gccggctca ccgcaatctc tgccaccccg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5 catttccccca ttggcctga tggtaagat ttagttaaag aggctgtaag tcaggttcga 60  
gcagaggcta ctacaagaag taggaaatca agtccctcac atgggctatt aaaacttaggt 120  
agtggtgag tagtggaaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggaa 180  
aaagggcatt ctttaggaac tgcatactgtt aaccacacc ttgatccaag agctaggaa 240  
acttcagttg

---

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

	gcgcccccg a	gcagcggccg	cgccctccgc	gccttctccg	ccgggacctc	gagcgaaaga	60
	ggcccgcg	ccgcccagcc	ctcgccctccc	tgcccacccg	gcacaccccg	ccgcccaccc	120
	gaccccgctg	cgcacggcct	gtccgctgca	caccagctt	ttggcgctt	cgtcgccc	180
5	ctcgccccgg	gctactcctg	cgcgccacaa	tgagctccc	catcgccagg	gcgctcgct	240
	tagtcgtcac	ccttctccac	ttgaccaggc	tggcgcttc	cacctgcccc	gctgcctgcc	300
	actgccccct	ggaggcgc	aaagtgcgc	cgggagtcgg	gctggccgg	gacggctg	360
	gctgctgtaa	ggtctgc	aagcagctca	acgaggactg	cagcaaaacg	cagccctg	420
	accacaccaa	ggggctggaa	tgcaacttc	gcccacgtc	caccgtctg	aaggggatct	480
10	gcagagctca	gtcagagggc	agaccctgt	aatataactc	cagaatctac	aaaaacgggg	540
	aaagtttcca	gcccacgt	aaacatcgt	gcacatgtat	tgatggcg	gtgggctg	600
	ttcctctgt	tcccaagaa	ctatctctcc	ccaaacttggg	ctgtcccaac	cctcggt	660
	tcaaagtta	cgggcagtgc	tgcgaggagt	gggtctgt	cgaggatagt	atcaaggacc	720
	ccatggagga	ccaggacggc	ctccttggca	aggagctggg	attcgatg	tccgagg	780
	agttgacgag	aaacaatgaa	ttgatttgc	ttggaaaagg	cagctactg	aagcggct	840
15	ctgttttgg	aatggagcct	cgcatttat	acaaccctt	acaaggccag	aatgtatt	900
	ttcaaaaca	ttcatgttcc	cagtgc	agacctgt	aactgtt	tccacacg	960
	ttaccatga	caaccctgag	tgccgcctt	tgaaagaaac	ccggattt	gaggtgc	1020
	cttgcgtt	gccagtgtac	agcagcctg	aaaagggca	gaaatgc	aagacca	1080
	aatcccccg	accagtca	tttacttac	ctggatgtt	gagtgt	aaatacc	1140
	ccaagta	cgttctgc	gtggacggc	gatgctg	gcccagct	accaggact	1200
	tgaagatgc	gttccgtc	gaagatggg	agacattt	caagaacgt	atgatgat	1260
	agtcctgca	atgcaactac	aactgccc	atgcaat	agcagcg	cccttct	1320
	ggctgttca	tgacatttac	aaattttag	actaaatgt	acctgg	ccagggc	1380
	cctagacaaa	caaggagaa	gagtgtc	atcagaat	tggaaaat	ggcg	1440
25	ggtgtgggt	atgggactca	ttttagaa	gaaggc	tcatttct	ggagcatt	1500
	ggtatttcg	aactgcca	gggtgtt	cgatgg	cta	cacgatt	1560
	gaataactt	tttcatag	ttggagc	tgttact	tcattt	gcttgt	1620
	ttgatgact	tctgtttt	gtttgt	tatttctaa	gcatattt	tctagg	1680
	tttccctt	gggttctac	gtcgtaaa	agataataa	attagtt	cagttaa	1740
30	cttttattcg	tccttgc	aaagtaaa	ggagggcatt	ccatccct	ctgaagg	1800
	acactccat	agtgtctg	agaggc	atctgc	taaact	acagaa	1860
	ggtgtttaa	gactgaat	tttattt	aaaatgt	tttggg	ggaggg	1920
	tgtataact	gaataattt	taatgt	taatttata	ttcagtg	agatttatt	1980
	tatggatt	accattt	aaagaaat	ttaccta	tctgagtg	tgccatt	2040
35	tatttttag	ggtgtccaa	agtcattt	aacaacct	ctcac	caattt	2100
	aacaggactt	atgggatac	agcagt	taagctt	aaataagata	atgatt	2160
	ttatacc	agttagagaaa	agtcttgc	tataaagta	tgttaaaaaa	acatgtatt	2220
	aacacgacat	tgtatga	acaataaaga	ttctga	aaaaaaa		

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1636 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

20	cttgaatgaa gctgacacca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaaggga 60 agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagcccg gcgccccac 120 cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgtcg cttctcccc agatggctcc 180 tggtttgctt ggtctcaagg acactgcatt gtcaactga tccctggcc gttggaggag 240 cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300 cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggccttc 360 agcccgtggc cttccccacc cagcaggaag ctctggcac gcccaccacc ccaagtggcc 420 gatgtctctt gcctggttct tgctacggga ctcaacgatg ggcagatcaa gatctggag 480 gtgcagacag ggctcctgtt tttgaatctt tccggccacc aagatgtcgt gagagatctg 540 agcttcacac ccagtggcag tttgattttg gtctccgcgt cacggataa gactcttcgc 600 atctgggacc tgaataaaaca cgtaaaacag attcaagtgt tatcgggcca cctgcagtgg 660
30	gtttactgct gttccatctc cccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720 tcggtctttc tatggagcat gaggtctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780 agcagtgttg tctcttgta ctctcccc gactctgccc tgctgtcac ggcttcttac 840 gataccaatg tgattatgtg ggaccctac accggcgaaa ggctgaggc actccaccac 900 acccaggttg accccgccat ggatgacagt gacgtccaca tttagctcaact gagatctgtg 960
35	tgcttctctc cagaaggctt gtaccttgcc acgggtgcag atgacagact cctcaggatc 1020 tggccctgg aactgaaaac tcccattgca tttgctccta tgaccaatgg gctttgtcgc 1080 acatttttc cacatggtgg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140 tggacagctc ctagggtcct gtctctactg aagactttat gcccggaaagc ctttcgaagt 1200 ttcctaacaat cttaccaagt cctagcactg ccaatcccc agaaaatgaa agagttcctc 1260
40	acatacagga ctttttaagc aacaccat cttgtgcttc tttgttagcag ggtaaatcgt 1320 cctgtcaaag ggagttgtcga aataatggg ccaaacatct ggtcttgcatt taaaatagca 1380 tttcttggg attgtgataa gaatgttagca aaaccagatt ccagtgtaca taaaagaatt 1440 tttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttataattg 1500 aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tggaaaaaaa aaaatgtaga 1560

aagatggta agggatggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcgggttggg 1620  
gaccctgtgc tgcgtt

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 460 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30

ccatgtgt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta ggcataatgt 60  
gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgagcctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120  
tggaaatgagc taaagcagcc gcctggggtg ggaggccgag cccatttgta tgcagcaggg 180  
ggcaggagcc cagcaaggga gcctccatcc ccaggactct ggagggagct gagaccatcc 240  
35 atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaattgtg caggtgggaa 300  
aactgaggct gggaaagtac atagcaagt actggcagag ctggactgg aacccaacca 360

gcctcctaga ccacggttct tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtggta 420  
 ccgagctcga attcgtaatc atggtcatacg ctgttcctg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
 

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

30 atctgatcaa gaatacctgc cctggtaact ctgcggatgt ttctgtccac ttgttcacat 60  
 tgaggacaa gatatcctt tttacagagg cacttgttcg gtctaacaca gacaccccca 120  
 tgacgacatg ctggctcaca ttttgcagtt ctgcagaagt ccccccacca gcctggacta 180  
 cagcagcact ttcccgtggg ggtgcagtag ccgtttcgac agagcctgga gcactctgaa 240  
 35 gtcagtgct gtgcagggtt taccgtggct ctgcattcct caggcattaa aggtctttt 300  
 ggatctacaa ttttgttagag tttccattt tgagtctggg tcatactttt actgcttgat 360

aaaatgtaaa cttcacctag ttcatcttct ccaaatccca agatgtgacc ggaaaagtag 420  
 cctctacagg acccactagt gccgacacag agtggtttt cttgccactg ctttgtcaca 480  
 ggactttgct ggagagttag gaaattccca ttacgatctc caaacacgta gcttccatac 540  
 5 aatcttctg actggcagcc ccggatataca aatccaccaa ccaaaggacc attactgaat 600  
 ggcttgaatt ctaaaagtga tgcttcactt tcataatctt tccccttat tatctgtaga 660  
 attctggctg atgatctgtt tttccatgg gagtctgaac acagtatcgtaaaattgatg 720  
 tttatatacg tggatgtct atccacagca catctgcctg gatcgtagg cccatgagca 780  
 aacacttcgg ggggctgggt ggtgctgtg aagtgtgggt tgctccttgg tatggaataa 840  
 ggcacgttgc acatgtctgt gtccacatcc agccgttagca ctgagcctgt gaaatcactt 900  
 10 ~~aacccatcca ttcttccat atcatccagt gtaatcatcc catcaccaag aatgatgtac 960~~  
 aaaaacccgt cagggccaaa gaggcgttgc cctccagat gctttctgtg gagttctgca 1020  
 acttcaagaa agactctggc ttttctcaa

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5 ttttcaaata cacatatggc ttcttgacc ccatcaaata actttattca cacaaacgtc 60  
ccttaattta caaaggcctca gtcattcata cacattaggg gatccacagt gttcaaggaa 120  
cttaaatata atgtatcata ccaacccaag taaaccaagt aaaaaaaata ttcatataaa 180  
gttgttcaca cgttaggtcct agattaccag cttctgtgca aaaaaaggaa atgaagaaaa 240  
atagatttat taactatgtat tgaaaactaa ctttgcct ggcttaaaac ctccctcacg 300  
ctcgtctgtc ccacacaaat gtttaagaag tcactgcaat gtactccccg gctctgatga 360  
aaagaagccc ctggcacaaa agattccagt gcccctgaag aggctccctt ctcctgtgg 420

---

10 gctctcttag aaaaccagcg ggacggcctc cctgctgata ccgtctataa ccttaggggg 480  
ccctcgggca ggcaacggca gtggactcat ctcggtgatg gctgtagatg ctaacactgg 540  
ccaattcaat gccacaccta ctggttaccc tttgagggca tttctccaga cagaagcccc 600  
ttgaagccta ggttagggcag gatcagagat acaccgtgt ttgtctcgaa gggctccaca 660  
gcccagtacg acatgctgc agaagtagta tctctggact tctgcctcca gtcgaccggc 720

15 cgcgaaattta gtagtaatag cgcccg

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

5

~~a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59~~

10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

20

3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.

25

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

30

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

5

---

7. ~~Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.~~

10

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.

15

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.

20

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.

25

11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

30

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

5

---

14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

10

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

20

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.

25

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

30

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

100

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

---

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

20

24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

26. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

5

---

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.

10

29. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

15

30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

20

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 25.

25

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

5

---

35. ~~Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 34, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.~~

10 36. Verwendung gemäß Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15 37. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 25, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, 20 thrombische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

## Zusammenfassung

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon 5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

---

